

<p><b>2004-215842/21</b> C06 D16 E15 (D13) <b>SUNG- 2002.08.20</b>  <b>SUNGENE GMBH &amp; CO KGAA</b>          2002.08.20 2002-1038980(+2002DE-1038980) (2004.03.04) A01H          5/12, C12N 15/53, 15/82  <b>Method for preparing ketocarotenoids, useful e.g. as food or feed supplements, by increasing, or introducing, ketolase activity in the petals of transgenic plants, also new nucleic acid constructs</b>  <b>C2004-085425</b></p>	<p>C(3-A, 4-A8CE, 4-C1G, 4-E8, 4-F8E, 4-L5E) D(3-G4, 3-H1E, 5-H8, 5-H12D5, 5-H12E, 5-H16B, 5-H17B3) E(3) .6</p>
<p><b>NOVELTY</b>          Method for preparing ketocarotenoids (I) by culturing genetically modified plants that, in comparison with the wild-type, have altered ketolase (II) activity in the petals.</p> <p><b>DETAILED DESCRIPTION</b>          INDEPENDENT CLAIMS are also included for the following:          (1) nucleic acid construct containing a nucleic acid (III) that encodes (II), linked functionally to a flower- or petal-specific promoter;          (2) double-stranded (ds) RNA (IV) that comprises a sense strand, including a sequence that is essentially identical with at least part of the RNA <math>\epsilon</math>-cyclase (eC) transcript or the promoter region of the eC gene, and an antisense strand that is essentially complementary to the sense strand;</p>	<p>(3) transgenic expression cassette (EC) comprising a plant-functional promoter linked to a nucleic acid (V) that transcribes (IV);          (4) genetically altered plant in which activity of (II) in the petals is:          (a) increased, if already present in the wild-type; or          (b) introduced if absent from the wild type;          (5) genetically altered plant that has chromoplasts in the petals and contains at least one transgenic nucleic acid that encodes (II); and          (6) method for preparing plants of (4) and (5).</p> <p><b>USE</b>          The modified plants with increased (II) activity are used:          (a) as ornamentals;          (b) as food or animal feed; and          (c) for preparation of (I)-containing extracts or for preparing food/feed supplements (claimed), e.g., especially where (I) is astaxanthin, as a pigment for coloring trout, salmon and shrimps.</p> <p><b>ADVANTAGE</b>          The transgenic plants have increased content of (I).</p> <p>DE 10238980-A+</p>

### EXAMPLE

Vector pS3KETO2 comprises, in pSUN5, a cassette containing the constitutive double 35S cauliflower mosaic virus promoter; the rbcS chloroplast transit peptide; the ketolase gene from *Haemococcus pluvialis* and a terminator. It was used to transform tomato cells, using *Agrobacterium tumefaciens*, and the infected cells regenerated to plants conventionally. One of the resulting transgenic lines, CS13-8, produced orange flowers (yellow in the wild type) and its petals contained astaxanthin and adonixanthin, both absent from the wild type.

### TECHNOLOGY FOCUS

Biotechnology - Preferred Plants: These (a) naturally have (II) activity in the petals and this is increased by introducing (I)-encoding nucleic acid (NA) or (b) naturally lack (II) activity in the petals and this activity is introduced using NA. Plants having the highest expression level of (II) are selected and NA is under control of a flower-specific promoter. Particularly plants also have increased activity, relative to wild type, of hydroxylase and/or  $\beta$ -cyclase (bC) activity, especially as a result of introducing the appropriate nucleic acid, and plants are also selected for highest activity of these two enzymes.

The plant may also have reduced activity for the eC gene, particularly as a result of introducing:

- (a) a ds eC RNA sequence;
  - (b) an antisense RNA, optionally combined with a ribozyme;
  - (c) eC sense RNA to induce co-suppression;
  - (d) a DNA- or protein-binding factor against the eC gene, RNA or protein;
  - (e) viral nucleic acid that degrades eC RNA (or constructs that express any of them); or
  - (f) a construct that creates an insertion, deletion, inversion of mutation in the eC gene.
- Particularly in (a), the RNA includes a region with a ds-segment and this region contains a sequence at least partly identical with an eC transcript and/or eC promoter sequence. Especially the segment is identical with at least part of the plant's own eC transcript and the 5' or 3' ends of the plant's own eC-encoding nucleic acid. Plants are selected for lowest eC activity. Particularly the plant has chromoplasts in its petals and can be from any of 28 families; about 90 species and genera are listed, e.g. *Tagetes erecta* and *T. patula*.
- Preferred Process: The transgenic plants are cultivated, harvested and (f) isolated from their petals.

DE 10238980-A+I

2004-215842/21	<p data-bbox="553 1155 641 1801">Preferred Carotenoids: These are astaxanthin; canthaxanthin; echinenone (or its 3- or 3'-hydroxy derivatives); adonirubin or adonixanthin.</p> <p data-bbox="643 1071 1026 1801">Preferred Materials: (II) is especially a 329 amino acid (aa) protein (2) from <i>Haematococcus pluvialis</i> or a 258 aa protein (16) from <i>Nostoc</i> sp., or sequences derived from them by substitution, insertion or deletion, but retaining at least 20% homology at the aa level and enzymatic activity. Especially it is encoded by 1771 or 777 bp sequences. The hydroxylase is particularly a 322 aa <i>H. pluvialis</i> sequence, or derivatives as above, encoded by a 1608 bp sequence; and bC is a 500 aa tomato protein (or derivatives as above), encoded by a 1503 bp sequence. In (IV) the sense transcript is derived from a 1830 bp <i>T. erecta</i> sequence and the promoter sequence is a 358 bp sequence. Particularly the two strands are covalently linked in an inverted repeat. (140pp1251DwgNo.0/21)</p>	DE 10238980-A/2
----------------	---	-----------------

**THIS PAGE BLANK (USPTO)**





(19)  
Bundesrepublik Deutschland  
Deutsches Patent- und Markenamt

(10) **DE 102 38 980 A1** 2004.03.04

(12)

## Offenlegungsschrift

(21) Aktenzeichen: **102 38 980.2**  
(22) Anmeldetag: **20.08.2002**  
(43) Offenlegungstag: **04.03.2004**

(51) Int Cl.<sup>7</sup>: **A01H 5/12**  
**C12N 15/53, C12N 15/82**

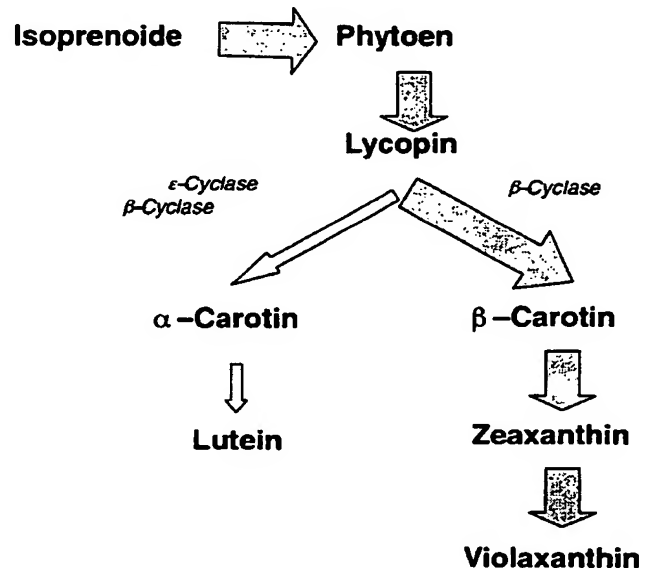
(71) Anmelder:  
**SunGene GmbH & Co. KGaA, 06466 Gatersleben,  
DE**

(72) Erfinder:  
**Erfinder wird später genannt werden**

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

(54) Bezeichnung: **Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden in Blütenblättern von Pflanzen**

(57) Zusammenfassung: Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden durch Kultivierung von Pflanzen, die im Vergleich zum Wildtyp eine veränderte Ketolase-Aktivität in Blütenblättern aufweisen, die genetisch veränderten Pflanzen sowie deren Verwendung als Nahrungs- und Futtermittel und zur Herstellung von Ketocarotinoidextrakten.



**Beschreibung**

- [0001] Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden durch Kultivierung von Pflanzen, die im Vergleich zum Wildtyp eine veränderte Ketolase-Aktivität in Blütenblättern aufweisen, die genetisch veränderten Pflanzen, sowie deren Verwendung als Nahrungs- und Futtermittel und zur Herstellung von Ketocarotinoidextrakten.
- [0002] Carotinoide werden de novo in Bakterien, Algen, Pilzen und Pflanzen synthetisiert. Ketocarotinoide, also Carotinoide, die mindestens eine Keto-Gruppe enthalten, wie beispielsweise Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin und Adonixanthin sind natürliche Antioxidantien und Pigmente, die von einigen Algen und Mikroorganismen als Sekundärmetabolite produziert werden.
- [0003] Aufgrund ihrer farbgebenden Eigenschaften werden die Ketocarotinoide und insbesondere Astaxanthin als Pigmentierhilfsstoffe in der Tierernährung, insbesondere in der Forellen-, Lachs- und Shrimpszucht verwendet.
- [0004] Die Herstellung von Astaxanthin erfolgt heutzutage größtenteils durch chemische Syntheseverfahren. Natürliche Ketocarotinoide, wie beispielsweise natürliches Astaxanthin, werden heutzutage in biotechnologischen Verfahren in kleinen Mengen durch Kultivierung von Algen, beispielsweise *Haematococcus pluvialis* oder durch Fermentation von gentechnologisch optimierten Mikroorganismen und anschließender Isolierung gewonnen.
- [0005] Ein wirtschaftliches biotechnologisches Verfahren zur Herstellung von natürlichen Ketocarotinoiden ist daher von großer Bedeutung.
- [0006] Aus WO 00/32788 ist es bekannt, durch kombinierte Überexpression von Carotinoid-Biosynthesegenen und Antisense-Verfahren bestimmte Carotinoidverhältnisse in Tagetespetalen zu beeinflussen.
- [0007] WO 98/18910 beschreibt die Synthese von Ketocarotinoiden in Nektarien von Tabakblüten durch Einbringen eines Ketolase-Gens in Tabak.
- [0008] WO 01/20011 beschreibt ein DNA Konstrukt zur Produktion von Ketocarotinoiden, insbesondere Astaxanthin, in Samen von Ölsaatpflanzen wie Raps, Sonnenblume, Sojabohne und Senf unter Verwendung eines Samen-spezifischen Promotors und einer Ketolase aus *Haematococcus*.
- [0009] Die in WO 98/18910 und WO 01/20011 offenbarten Verfahren liefern zwar genetisch veränderte Pflanzen, die in spezifischen Geweben einen Gehalt an Ketocarotinoiden aufweisen, weisen jedoch den Nachteil auf, das die Höhe des Gehalts an Ketocarotinoiden und die Reinheit, insbesondere an Astaxanthin noch nicht zufriedenstellend ist.
- [0010] Der Erfindung lag daher die Aufgabe zugrunde, ein alternatives Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden durch Kultivierung von Pflanzen zur Verfügung zu stellen, bzw. weitere transgene Pflanzen, die Ketocarotinoide herstellen, zur Verfügung zu stellen, die optimierte Eigenschaften, wie beispielsweise einen höheren Gehalt an Ketocarotinoiden aufweisen und den geschilderten Nachteil des Standes der Technik nicht aufweisen.
- [0011] Demgemäß wurde ein Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden gefunden, indem man genetisch veränderte Pflanzen kultiviert, die im Vergleich zum Wildtyp eine veränderte Ketolase-Aktivität in Blütenblättern aufweisen.
- [0012] Bis auf wenige Ausnahmen abgesehen, wie beispielsweise das Adonisröschen, enthalten Pflanzen und insbesondere die Blütenblätter, die auch Petalen genannt werden, zwar Carotinoide, aber keine Ketocarotinoide. In der Regel weisen daher die Blütenblätter von Wildtyppflanzen keine Ketolase-Aktivität auf.
- [0013] In einer Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens werden daher als Ausgangspflanzen Pflanzen verwendet, die bereits als Wildtyp in Blütenblättern eine Ketolaseaktivität aufweisen, wie beispielsweise das Adonisröschen. In dieser Ausführungsform bewirkt die genetische Veränderung eine Erhöhung der Ketolase-Aktivität in Blütenblättern.
- [0014] Unter Ketolase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer Ketolase verstanden.
- [0015] Unter einer Ketolase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, am, gegebenenfalls substituierten,  $\beta$ -Ionon-Ring von Carotinoiden eine Keto-Gruppe einzuführen.
- [0016] Insbesondere wird unter einer Ketolase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist,  $\beta$ -Carotin in Canthaxanthin umzuwandeln.
- [0017] Dementsprechend wird unter Ketolase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein Ketolase umgesetzte Menge  $\beta$ -Carotin bzw. gebildete Menge Canthaxanthin verstanden.
- [0018] Bei einer erhöhten Ketolase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein Ketolase die umgesetzte Menge  $\beta$ -Carotin bzw. die gebildete Menge Canthaxanthin erhöht.
- [0019] Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der Ketolase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt mindestens 100 %, bevorzugter mindestens 300 %, noch bevorzugter mindestens 500 %, insbesondere mindestens 600 % der Ketolase-Aktivität des

Wildtyps.

[0020] Unter dem Begriff "Wildtyp" wird erfindungsgemäß die entsprechende nicht genetisch veränderte Ausgangspflanze verstanden.

[0021] Je nach Zusammenhang kann unter dem Begriff "Pflanze" die Ausgangspflanze (Wildtyp) oder eine erfindungsgemäße, genetisch veränderte Pflanze oder beides verstanden werden.

[0022] Vorzugsweise und insbesondere in Fällen, in denen die Pflanze oder der Wildtyp nicht eindeutig zugeordnet werden kann, wird unter "Wildtyp" für die Erhöhung oder Verursachung der Ketolase-Aktivität, für die nachstehend beschriebene Erhöhung der Hydroxylase-Aktivität, für die nachstehend beschriebene Erhöhung der  $\beta$ -Cyclase-Aktivität, und für die nachstehend beschriebene Reduzierung der  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität und die Erhöhung des Gehalts an Ketocarotinoiden jeweils eine Referenzpflanze verstanden.

[0023] Diese Referenzpflanze ist für Pflanzen, die bereits als Wildtyp eine Ketolase-Aktivität in Blütenblätter aufweisen vorzugsweise *Adonis aestivalis*, *Adonis flammeus* oder *Adonis annuus*, besonders bevorzugt *Adonis aestivalis*.

[0024] Diese Referenzpflanze ist für Pflanzen, die als Wildtyp keine Ketolase-Aktivität in Blütenblätter aufweisen, vorzugsweise *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Tagetes lucida*, *Tagetes pringlei*, *Tagetes palmeri*, *Tagetes minuta* oder *Tagetes campanulata*, besonders bevorzugt *Tagetes erecta*.

[0025] Die Bestimmung der Ketolase-Aktivität in erfindungsgemäßen genetisch veränderten Pflanzen und in Wildtyp- bzw. Referenzpflanzen erfolgt vorzugsweise unter folgenden Bedingungen:

Die Bestimmung der Ketolase-Aktivität in Pflanzenmaterial erfolgt in Anlehnung an die Methode von Frazer et al., (J. Biol. Chem. 272(10): 6128–6135, 1997). Die Ketolase-Aktivität in pflanzlichen Extrakten wird mit den Substraten beta-Carotin und Canthaxanthin in Gegenwart von Lipid (Sojalecithin) und Detergens (Natriumchoolat) bestimmt. Substrat/Produkt-Verhältnisse aus den Ketolase-Assays werden mittels HPLC ermittelt.

[0026] Die Erhöhung der Ketolase-Aktivität kann durch verschiedene Wege erfolgen, beispielsweise durch Ausschalten von hemmenden Regulationsmechanismen auf Translations- und Proteinebene oder durch Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Ketolase gegenüber dem Wildtyp, beispielsweise durch Induzierung des Ketolase-Gens durch Aktivatoren oder durch Einbringen von Nukleinsäuren codierend eine Ketolase in die Pflanze.

[0027] Unter Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Ketolase wird erfindungsgemäß in dieser Ausführungsform auch die Manipulation der Expression der Pflanzen eigenen endogenen Ketolasen verstanden. Dies kann beispielsweise durch Veränderung der Promotor DNA-Sequenz für Ketolase codierende Gene erreicht werden. Eine solche Veränderung, die eine veränderte oder vorzugsweise erhöhte Expressionsrate mindestens eines endogenen Ketolase Gens zur Folge hat, kann durch Deletion oder Insertion von DNA Sequenzen erfolgen.

[0028] Es ist wie vorstehend beschrieben möglich, die Expression mindestens einer endogenen Ketolase durch die Applikation exogener Stimuli zu verändern. Dies kann durch besondere physiologische Bedingungen, also durch die Applikation von Fremdstoffen erfolgen.

[0029] Des weiteren kann eine erhöhte Expression mindestens eines endogenen Ketolase-Gens dadurch erzielt werden, dass ein in der Wildtyppflanze nicht vorkommendes oder modifiziertes Regulatorprotein mit dem Promotor dieser Gene in Wechselwirkung tritt.

[0030] Solch ein Regulator kann ein chimäres Protein darstellen, welches aus einer DNA-Bindedomäne und einer Transkriptionsaktivator-Domäne besteht, wie beispielsweise in WO 96/06166 beschrieben.

[0031] In einer bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Ketolase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp durch die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure, codierend eine Ketolase.

[0032] In einer weiter bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Ketolase durch Einbringen von Nukleinsäuren, die Ketolasen codieren, in die Pflanze.

[0033] In den erfindungsgemäßen transgenen Pflanzen liegt also in dieser Ausführungsform gegenüber dem Wildtyp mindestens ein weiteres Ketolase-Gen vor. In dieser Ausführungsform weist die erfindungsgemäße genetisch veränderte Pflanze dementsprechend mindestens eine exogene (= heterologe) Nukleinsäure, codierend eine Ketolase, auf oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, codierend eine Ketolase, auf.

[0034] In einer anderen, bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens werden als Ausgangspflanzen Pflanzen verwendet, die als Wildtyp in Blütenblättern keine Ketolaseaktivität aufweisen, wie beispielsweise Tomate, Marigold, *Tagetes erecta*, *Tagetes lucida*, *Tagetes minuta*, *Tagetes pringlei*, *Tagetes palmeri* und *Tagetes campanulata*.

[0035] In dieser, bevorzugten Ausführungsform verursacht die genetische Veränderung die Ketolase-Aktivität in Blütenblättern. Die erfindungsgemäße genetisch veränderte Pflanze weist somit in dieser, bevorzugten Ausführungsform im Vergleich zum genetisch nicht veränderten Wildtyp eine Ketolase-Aktivität in Blütenblättern auf und ist somit vorzugsweise in der Lage, in Blütenblättern transgen eine Ketolase zu exprimieren.

[0036] In dieser bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Verursachung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Ketolase analog zu der vorstehend beschriebenen Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Ketolase vorzugsweise durch Einbringen von Nukleinsäuren, die Ketolasen ko-

dieren in die Ausgangspflanze.

[0037] Dazu kann in beiden Ausführungsformen prinzipiell jedes Ketolase-Gen, also jede Nukleinsäuren die eine Ketolase codiert verwendet werden.

[0038] Alle in der Beschreibung erwähnten Nukleinsäuren können beispielsweise eine RNA-, DNA- oder cDNA-Sequenz sein.

[0039] Bei genomischen Ketolase-Sequenzen aus eukaryontischen Quellen, die Introns enthalten, sind für den Fall das die Wirtspflanze nicht in der Lage ist oder nicht in die Lage versetzt werden kann, die entsprechenden Ketolase zu exprimieren, bevorzugt bereits prozessierte Nukleinsäuresequenzen, wie die entsprechenden cDNAs zu verwenden.

[0040] Beispiele für Nukleinsäuren, kodierend eine Ketolase und die entsprechenden Ketolasen, die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendet werden können sind beispielsweise Sequenzen aus *Haematoccus pluvialis*, insbesondere aus *Haematoccus pluvialis* Flotow em. Wille (Accession NO: X86782; Nukleinsäure:

SEQ ID NO: 1, Protein SEQ ID NO: 2),

*Haematoccus pluvialis*, NIES-144 (Accession NO: D45881; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 3, Protein SEQ ID NO: 4),

*Agrobacterium aurantiacum* (Accession NO: D58420; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 5, Protein SEQ ID NO: 6),

*Alicialigenes spec.* (Accession NO: D58422; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 7, Protein SEQ ID NO: 8),

*Paracoccus marcusii* (Accession NO: Y15112; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 9, Protein SEQ ID NO: 10).

*Synechocystis sp.* Strain PC6803 (Accession NO: NP442491; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 11, Protein SEQ ID NO: 12).

*Bradyrhizobium sp.* (Accession NO: AF218415; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 13, Protein SEQ ID NO: 14).

*Nostoc sp.* Strain PCC7120 (Accession NO: AP003592, BAB74888; Nukleinsäure: SEQ ID NO: 15, Protein SEQ ID NO: 16).

[0041] Weitere natürliche Beispiele für Ketolasen und Ketolase-Gene, die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendet werden können, lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, durch Identitätsvergleiche der Aminosäuresequenzen oder der entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit den vorstehend beschriebenen Sequenzen und insbesondere mit den Sequenzen SEQ ID NO: 2 und/oder 16 leicht auffinden.

[0042] Weitere natürliche Beispiele für Ketolasen und Ketolase-Gene lassen sich weiterhin ausgehend von den vorstehend beschriebenen Nukleinsäuresequenzen, insbesondere ausgehend von den Sequenzen SEQ ID NO: 2 und/oder 16 aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungstechniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

[0043] Die Hybridisierung kann unter moderaten (geringe Stringenz) oder vorzugsweise unter stringenten (hohe Stringenz) Bedingungen erfolgen.

[0044] Solche Hybridisierungsbedingungen sind beispielsweise bei Sambrook, J., Fritsch, E.F., Maniatis, T., in: *Molecular Cloning (A Laboratory Manual)*, 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989, Seiten 9.31-9.57 oder in *Current Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons, N.Y. (1989), 6.3.1-6.3.6 beschrieben.

[0045] Beispielhaft können die Bedingungen während des Waschschrilles ausgewählt sein aus dem Bereich von Bedingungen begrenzt von solchen mit geringer Stringenz (mit 2X SSC bei 50°C) und solchen mit hoher Stringenz (mit 0.2X SSC bei 50°C, bevorzugt bei 65°C) (20X SSC: 0,3 M Natriumcitrat, 3 M Natriumchlorid, pH 7.0).

[0046] Darüberhinaus kann die Temperatur während des Waschschrilles von moderaten Bedingungen bei Raumtemperatur, 22°C, bis zu stringenten Bedingungen bei 65°C angehoben werden.

[0047] Beide Parameter, Salzkonzentration und Temperatur, können gleichzeitig variiert werden, auch kann einer der beiden Parameter konstant gehalten und nur der andere variiert werden. Während der Hybridisierung können auch denaturierende Agenzien wie zum Beispiel Formamid oder SDS eingesetzt werden. In Gegenwart von 50 % Formamid wird die Hybridisierung bevorzugt bei 42°C ausgeführt.

[0048] Einige beispielhafte Bedingungen für Hybridisierung und Waschschrille sind infolge gegeben:

(1) Hybridisierungsbedingungen mit zum Beispiel

(i) 4X SSC bei 65°C, oder

(ii) 6X SSC bei 45°C, oder

(iii) 6X SSC bei 68°C, 100 mg/ml denaturierter Fischsperma-DNA, oder

(iv) 6X SSC, 0.5 % SDS, 100 mg/ml denaturierte, fragmentierte Lachssperma-DNA bei 68°C, oder

(v) 6XSSC, 0.5 % SDS, 100 mg/ml denaturierte, fragmentierte Lachssperma-DNA, 50 % Formamid bei 42°C, oder

(vi) 50 % Formamid, 4X SSC bei 42°C, oder

(vii) 50 % (vol/vol) Formamid, 0.1 % Rinderserumalbumin, 0.1 % Ficoll, 0.1 % Polyvinylpyrrolidon, 50 mM Natriumphosphatpuffer pH 6.5, 750 mM NaCl, 75 mM Natriumcitrat bei 42°C, oder

- (viii) 2X oder 4X SSC bei 50°C (moderate Bedingungen), oder
- (ix) 30 bis 40 % Formamid, 2X oder 4X SSC bei 42° (moderate Bedingungen).
- (2) Waschschrirte für jeweils 10 Minuten mit zum Beispiel
  - (i) 0.015 M NaCl/0.0015 M Natriumcitrat/0.1 % SDS bei 50°C, oder
  - (ii) 0.1X SSC bei 65°C, oder
  - (iii) 0.1X SSC, 0.5 % SDS bei 68°C, oder
  - (iv) 0.1X SSC, 0.5 % SDS, 50 % Formamid bei 42°C, oder
  - (v) 0.2X SSC, 0.1 % SDS bei 42°C, oder
  - (vi) 2X SSC bei 65°C (moderate Bedingungen).

[0049] In einer bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahren bringt man Nukleinsäuren ein, die ein Protein kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 20 %, vorzugsweise mindestens 30 %, bevorzugter mindestens 40 %, bevorzugter mindestens 50 %, bevorzugter mindestens 60 %, bevorzugter mindestens 70 %, bevorzugter mindestens 80 %, besonders bevorzugt mindestens 90 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 2 und die enzymatische Eigenschaft einer Ketolase aufweist.

[0050] Dabei kann es sich um eine natürliche Ketolase-Sequenz handeln, die wie vorstehend beschrieben durch Identitätsvergleich der Sequenzen aus anderen Organismen gefunden werden kann oder um eine künstliche Ketolase-Sequenz die ausgehend von der Sequenz SEQ ID NO: 2 durch künstliche Variation, beispielsweise durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgewandelt wurde.

[0051] In einer weiteren, bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahren bringt man Nukleinsäuren ein die ein Protein kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 16 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 20 %, vorzugsweise mindestens 30 %, bevorzugter mindestens 40 %, bevorzugter mindestens 50 %, bevorzugter mindestens 60 %, bevorzugter mindestens 70 %, bevorzugter mindestens 80 %, besonders bevorzugt mindestens 90 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 16 und die enzymatische Eigenschaft einer Ketolase aufweist.

[0052] Dabei kann es sich um eine natürliche Ketolase-Sequenz handeln, die, wie vorstehend beschrieben, durch Identitätsvergleich der Sequenzen aus anderen Organismen gefunden werden kann oder um eine künstliche Ketolase-Sequenz die ausgehend von der Sequenz SEQ ID NO: 16 durch künstliche Variation, beispielsweise durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgewandelt wurde.

[0053] Unter dem Begriff "Substitution" ist in der Beschreibung der Austausch einer oder mehrerer Aminosäuren durch eine oder mehrere Aminosäuren zu verstehen. Bevorzugt werden sog. konservative Austausche durchgeführt, bei denen die ersetzte Aminosäure eine ähnliche Eigenschaft hat wie die ursprüngliche Aminosäure, beispielsweise Austausch von Glu durch Asp, Gln durch Asn, Val durch Ile, Leu durch Ile, Ser durch Thr.

[0054] Deletion ist das Ersetzen einer Aminosäure durch eine direkte Bindung. Bevorzugte Positionen für Deletionen sind die Termini des Polypeptides und die Verknüpfungen zwischen den einzelnen Proteindomänen.

[0055] Insertionen sind Einfügungen von Aminosäuren in die Polypeptidkette, wobei formal eine direkte Bindung durch ein oder mehrere Aminosäuren ersetzt wird.

[0056] Unter Identität zwischen zwei Proteinen wird die Identität der Aminosäuren über die jeweils gesamte Proteinlänge verstanden, insbesondere die Identität die durch Vergleich mit Hilfe der Lasergene Software der Firma DNASTAR, inc. Madison, Wisconsin (USA) unter Anwendung der Clustal Methode (Higgins DG, Sharp PM. Fast and sensitive multiple sequence alignments on a microcomputer. Comput Appl. Biosci. 1989 Apr; 5(2): 151-1) unter Einstellung folgender Parameter berechnet wird:

Multiple alignment parameter:

Gap penalty 10

Gap length penalty 10

Pairwise alignment parameter:

K-tuple 1

Gap penalty 3

Window 5

Diagonals saved 5

[0057] Unter einem Protein, das eine Identität von mindestens 20 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 2 oder 16 aufweist, wird dementsprechend ein Protein verstanden, das bei einem Vergleich seiner Sequenz mit der Sequenz SEQ ID NO: 2 oder 16, insbesondere nach obigen Programmlogarithmus mit obigem Parametersatz eine Identität von mindestens 20 % aufweist.

[0058] Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidse-

quenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.

[0059] Bevorzugt werden dafür solche Codons verwendet, die entsprechend der pflanzenspezifischen codon usage häufig verwendet werden. Die codon usage lässt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht ermitteln.

[0060] In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ ID NO: 1 in die Pflanze ein.

[0061] In einer weiteren, besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ ID NO: 15 in die Pflanze ein.

[0062] Alle vorstehend erwähnten Ketolase-Gene sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoramiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, S. 896–897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), *Molecular cloning: A laboratory manual*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.

[0063] In einer besonderes bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen Verfahrens verwendet man genetisch veränderte Pflanzen, die in Blüten die höchste Expressionsrate einer Ketolase aufweisen.

[0064] Vorzugsweise wird dies dadurch erreicht, das die Genexpression der Ketolase unter Kontrolle eines blütenspezifischen Promotors erfolgt. Beispielsweise werden dazu die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren, wie nachstehend ausführlich beschrieben, in einem Nukleinsäurekonstrukt, funktionell verknüpft mit einem blütenspezifischen Promotor in die Pflanze eingebracht.

[0065] Unter Pflanzen werden erfindungsgemäß vorzugsweise Pflanzen verstanden, die als Wildtyp in Blütenblättern Chromoplasten aufweisen. Weiter bevorzugte Pflanzen weisen als Wildtyp in den Blütenblättern zusätzlich Carotinoide, insbesondere  $\beta$ -Carotin, Zeaxanthin, Neoxanthin, Violaxanthin oder Lutein auf. Weiter bevorzugte Pflanzen weisen als Wildtyp in den Blütenblättern zusätzlich eine Hydroxylase-Aktivität auf.

[0066] Unter Hydroxylase -Aktivität wird die Enzymaktivität einer Hydroxylase verstanden.

[0067] Unter einer Hydroxylase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, am, gegebenenfalls substituierten,  $\beta$ -Ionon-Ring von Carotinoiden eine Hydroxy-Gruppe einzuführen.

[0068] Insbesondere wird unter einer Hydroxylase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist,  $\beta$ -Carotin in Zeaxanthin oder Cantaxanthin in Astaxanthin umzuwandeln.

[0069] Dementsprechend wird unter Hydroxylase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein Hydroxylase umgesetzte Menge  $\beta$ -Carotin oder Cantaxanthin bzw. gebildete Menge Zeaxanthin oder Astaxanthin verstanden.

[0070] Besonders bevorzugte Pflanzen sind Pflanzen ausgewählt aus den Familien Ranunculaceae, Berberidaceae, Papaveraceae, Cannabaceae, Rosaceae, Fabaceae, Linaceae, Vitaceae, Brassicaceae, Cucurbitaceae, Primulaceae, Caryophyllaceae, Amaranthaceae, Gentianaceae, Geraniaceae, Caprifoliaceae, Oleaceae, Tropaeolaceae, Solanaceae, Scrophulariaceae, Asteraceae, Liliaceae, Amaryllidaceae, Poaceae, Orchidaceae, Malvaceae, Iliaceae oder Lamiaceae.

[0071] Ganz besonders bevorzugte Pflanzen sind ausgewählt aus der Gruppe der Pflanzengattungen Marigold, *Tapetes erecta*, *Tapetes patula*, *Acacia*, *Aconitum*, *Adonis*, *Arnica*, *Aquilegia*, *Aster*, *Astragalus*, *Bignonia*, *Calendula*, *Caltha*, *Campanula*, *Canna*, *Centaurea*, *Cheiranthus*, *Chrysanthemum*, *Citrus*, *Crepis*, *Crocus*, *Curcubita*, *Cytisus*, *Delonia*, *Delphinium*, *Dianthus*, *Dimorphotheca*, *Doronicum*, *Eschscholtzia*, *Forsythia*, *Fremontia*, *Gazania*, *Gelsemium*, *Genista*, *Gentiana*, *Geranium*, *Gerbera*, *Geum*, *Grevillea*, *Helenium*, *Helianthus*, *Hepatica*, *Heracleum*, *Hisbiscus*, *Heliopsis*, *Hypericum*, *Hypochoeris*, *Impatiens*, *Iris*, *Jacaranda*, *Kerria*, *Laburnum*, *Lathyrus*, *Leontodon*, *Lilium*, *Linum*, *Lotus*, *Lycopersicon*, *Lysimachia*, *Maratia*, *Medicago*, *Mimulus*, *Narcissus*, *Oenothera*, *Osmanthus*, *Petunia*, *Photinia*, *Physalis*, *Phyteuma*, *Potentilla*, *Pyracantha*, *Ranunculus*, *Rhododendron*, *Rosa*, *Rudbeckia*, *Senecio*, *Silene*, *Silphium*, *Sinapsis*, *Sorbus*, *Spartium*, *Tecoma*, *Torenia*, *Tragopogon*, *Trollius*, *Tropaeolum*, *Tulipa*, *Tussilago*, *Ulex*, *Viola* oder *Zinnia*, besonders bevorzugt ausgewählt aus der Gruppe der Pflanzengattungen Marigold, *Tapetes erecta*, *Tapetes patula*, *Lycopersicon*, *Rosa*, *Calendula*, *Physalis*, *Medicago*, *Helianthus*, *Chrysanthemum*, *Aster*, *Tulipa*, *Narcissus*, *Petunia*, *Geranium*, *Tropaeolum* oder *Adonis*.

[0072] In einer bevorzugten Ausführungsform werden Pflanzen kultiviert, die gegenüber dem Wildtyp zusätzlich eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität und/oder  $\beta$ -Cyclase-Aktivität aufweisen.

[0073] Unter Hydroxylase-Aktivität die Enzymaktivität einer Hydroxylase verstanden.

[0074] Unter einer Hydroxylase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, am, gegebenenfalls substituierten,  $\beta$ -Ionon-Ring von Carotinoiden eine Hydroxy-Gruppe einzuführen.

[0075] Insbesondere wird unter einer Hydroxylase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist,  $\beta$ -Carotin in Zeaxanthin oder Cantaxanthin in Astaxanthin umzuwandeln.

[0076] Dementsprechend wird unter Hydroxyase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein Hy-

droxylase umgesetzte Menge  $\beta$ -Carotin oder Cantaxanthin bzw. gebildete Menge Zeaxanthin oder Astaxanthin verstanden.

[0077] Bei einer erhöhten Hydroxylase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein Hydroxylase die umgesetzte Menge  $\beta$ -Carotin oder Cantaxanthin bzw. die gebildete Menge Zeaxanthin oder Astaxanthin erhöht.

[0078] Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der Hydroxylase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt mindestens 100 %, bevorzugter mindestens 300 %, noch bevorzugter mindestens 500 %, insbesondere mindestens 600 % der Hydroxylase-Aktivität des Wildtyps.

[0079] Unter  $\beta$ -Cyclase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer  $\beta$ -Cyclase verstanden.

[0080] Unter einer  $\beta$ -Cyclase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, einen endständigen, linearen Rest von Lycopin in einen  $\beta$ -Ionon-Ring zu überführen.

[0081] Insbesondere wird unter einer  $\beta$ -Cyclase ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist,  $\gamma$ -Carotin in  $\beta$ -Carotin umzuwandeln.

[0082] Dementsprechend wird unter  $\beta$ -Cyclase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein  $\beta$ -Cyclase umgesetzte Menge  $\gamma$ -Carotin bzw. gebildete Menge  $\beta$ -Carotin verstanden.

[0083] Bei einer erhöhten  $\beta$ -Cyclase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein  $\beta$ -Cyclase die umgesetzte Menge  $\gamma$ -Carotin bzw. die gebildete Menge  $\beta$ -Carotin erhöht.

[0084] Vorzugsweise beträgt diese Erhöhung der  $\beta$ -Cyclase-Aktivität mindestens 5 %, weiter bevorzugt mindestens 20 %, weiter bevorzugt mindestens 50 %, weiter bevorzugt mindestens 100 %, bevorzugter mindestens 300 %, noch bevorzugter mindestens 500 %, insbesondere mindestens 600 % der  $\beta$ -Cyclase-Aktivität des Wildtyps.

[0085] Die Bestimmung der Hydroxylase-Aktivität in erfindungsgemäßen genetisch veränderten Pflanzen und in Wildtyp- bzw. Referenzpflanzen erfolgt vorzugsweise unter folgenden Bedingungen: Die Aktivität der Hydroxylase wird nach Bouvier et al. (Biochim. Biophys. Acta 1391 (1998), 320–328) in vitro bestimmt. Es wird zu einer bestimmten Menge an Pflanzenextrakt Ferredoxin, Ferredoxin-NADP Oxidoreductase, Katalase, NADPH sowie beta-Carotin mit Monound Digalaktosylglyzeriden zugegeben.

[0086] Besonders bevorzugt erfolgt die Bestimmung der Hydroxylase-Aktivität unter folgenden Bedingungen nach Bouvier, Keller, d'Harlingue und Camara (Xanthophyll biosynthesis: molecular and functional characterization of carotenoid hydroxylases from pepper fruits (*Capsicum annuum* L.; Biochim. Biophys. Acta 1391 (1998), 320–328):

Der in-vitro Assay wird in einem Volumen von 0.250 ml Volumen durchgeführt. Der Ansatz enthält 50 mM Kaliumphosphat (pH 7.6), 0.025 mg Ferredoxin von Spinat, 0.5 Einheiten Ferredoxin-NADP<sup>+</sup> Oxidoreduktase von Spinat, 0.25 mM NADPH, 0.010 mg beta-Carotin (in 0.1 mg Tween 80 emulgiert), 0.05 mM einer Mischung von Monound Digalaktosylglyzeriden (1:1), 1 Einheit Katalase, 200 Monound Digalaktosylglyzeriden, (1:1), 0.2 mg Rinderserumalbumin und Pflanzenextrakt in unterschiedlichem Volumen. Die Reaktionsmischung wird 2 Stunden bei 30°C inkubiert. Die Reaktionsprodukte werden mit organischem Lösungsmittel wie Aceton oder Chloroform/ Methanol (2:1) extrahiert und mittels HPLC bestimmt.

[0087] Die Bestimmung der  $\beta$ -Cyclase-Aktivität in erfindungsgemäßen genetisch veränderten Pflanzen und in Wildtyp- bzw. Referenzpflanzen erfolgt vorzugsweise unter folgenden Bedingungen: Die Aktivität der  $\beta$ -Cyclase wird nach Fraser und Sandmann (Biochem. Biophys. Res. Comm. 185(1) (1992) 9–15) in vitro bestimmt. Es werden zu einer bestimmten Menge an Pflanzenextrakt Kaliumphosphat als Puffer (pH 7.6), Lycopin als Substrat, Stromaprotein von Paprika, NADP<sup>+</sup>, NADPH und ATP zugegeben.

[0088] Besonders bevorzugt erfolgt die Bestimmung der Hydroxylase-Aktivität unter folgenden Bedingungen nach Bouvier, d'Harlingue und Camara (Molecular Analysis of carotenoid cyclase inhibition; Arch. Biochem. Biophys. 346(1) (1997) 53–64):

Der in-vitro Assay wird in einem Volumen von 250  $\mu$ l Volumen durchgeführt. Der Ansatz enthält 50 mM Kaliumphosphat (pH 7.6), unterschiedliche Mengen an Pflanzenextrakt, 20 nM Lycopin, 250  $\mu$ g an chromoplastidärem Stromaprotein aus Paprika, 0.2 mM NADP<sup>+</sup>, 0.2 mM NADPH und 1 mM ATP. NADP/NADPH und ATP werden in 10  $\mu$ l Ethanol mit 1 mg Tween 80 unmittelbar vor der Zugabe zum Inkubationsmedium gelöst. Nach einer Reaktionszeit von 60 Minuten bei 30°C wird die Reaktion durch Zugabe von Chloroform/ Methanol (2:1) beendet. Die in Chloroform extrahierten Reaktionsprodukte werden mittels HPLC analysiert.

[0089] Ein alternativer Assay mit radioaktivem Substrat ist beschrieben in Fraser und Sandmann (Biochem. Biophys. Res. Comm. 185(1) (1992) 9–15).

[0090] Die Erhöhung der Hydroxylase-Aktivität und/oder  $\beta$ -Cyclase-Aktivität kann durch verschiedene Wege erfolgen, beispielsweise durch Ausschalten von hemmenden Regulationsmechanismen auf Expressions- und Proteinebene oder durch Erhöhung der Genexpression von Nukleinsäuren kodierend eine Hydroxylase und/oder von Nukleinsäuren kodierend eine  $\beta$ -Cyclase gegenüber dem Wildtyp.

[0091] Die Erhöhung der Genexpression der Nukleinsäuren kodierend eine Hydroxylase und/oder die Erhö-



hung der Genexpression der Nukleinsäure kodierend eine  $\beta$ -Cyclase gegenüber dem Wildtyp kann ebenfalls durch verschiedene Wege erfolgen, beispielsweise durch Induzierung des Hydroxylase-Gens und/oder  $\beta$ -Cyclase-Gens durch Aktivatoren oder durch Einbringen von einer oder mehrerer Hydroxylase-Genkopien und/oder  $\beta$ -Cyclase-Genkopien, also durch Einbringen mindestens einer Nukleinsäure kodierend eine Hydroxylase und/ oder mindestens einer Nukleinsäure kodierend eine  $\epsilon$ -Cyclase in die Pflanze.

[0092] Unter Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Hydroxylase und/oder  $\beta$ -Cyclase wird erfindungsgemäß auch die Manipulation der Expression der Pflanzen eigenen, endogenen Hydroxylase und/oder  $\beta$ -Cyclase verstanden.

[0093] Dies kann beispielsweise durch Veränderung der Promotor DNA-Sequenz für Hydroxylasen und/oder  $\beta$ -Cyclasen kodierende Gene erreicht werden. Eine solche Veränderung, die eine erhöhte Expressionsrate des Gens zur Folge hat, kann beispielsweise durch Deletion oder Insertion von DNA Sequenzen erfolgen.

[0094] Es ist, wie vorstehend beschrieben, möglich, die Expression der endogenen Hydroxylase und/oder  $\beta$ -Cyclase durch die Applikation exogener Stimuli zu verändern. Dies kann durch besondere physiologische Bedingungen, also durch die Applikation von Fremdstoffen erfolgen.

[0095] Des weiteren kann eine veränderte bzw. erhöhte Expression eines endogenen Hydroxylase- und/oder  $\beta$ -Cyclase-Gens dadurch erzielt werden, dass ein in der nicht transformierten Pflanze nicht vorkommendes Regulator-Protein mit dem Promotor dieses Gens in Wechselwirkung tritt.

[0096] Solch ein Regulator kann ein chimäres Protein darstellen, welches aus einer DNA-Bindedomäne und einer Transkriptionsaktivator-Domäne besteht, wie beispielsweise in WO 96/06166 beschrieben.

[0097] In einer bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure kodierend eine Hydroxylase und/ oder die Erhöhung der Genexpression einer Nukleinsäure kodierend eine  $\beta$ -Cyclase durch Einbringen von mindestens einer Nukleinsäure kodierend eine Hydroxylase und/oder durch Einbringen von mindestens einer Nukleinsäure kodierend eine  $\beta$ -Cyclase in die Pflanze.

[0098] Dazu kann prinzipiell jedes Hydroxylase-Gen bzw. jedes  $\beta$ -Cyclase-Gen, also jede Nukleinsäure, die eine Hydroxylase und jede Nukleinsäure, die eine  $\beta$ -Cyclase codiert, verwendet werden.

[0099] Bei genomischen Hydroxylase-bzw.  $\beta$ -Cyclase-Nukleinsäure-Sequenzen aus eukaryontischen Quellen, die Introns enthalten, sind für den Fall das die Wirtspflanze nicht in der Lage ist oder nicht in die Lage versetzt werden kann, die entsprechende Hydroxylase bzw.  $\beta$ -Cyclase zu exprimieren, bevorzugt bereits prozessierte Nukleinsäuresequenzen, wie die entsprechenden cDNAs zu verwenden.

[0100] Ein Beispiel für ein Hydroxylase-Gen ist eine Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase aus *Haemotococcus pluvialis*, Accession AX 038729, WO 0061764; (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 17, Protein: SEQ ID NO: 18).

[0101] Ein Beispiel für ein  $\beta$ -Cyclase-Gen ist eine Nukleinsäure, codierend eine  $\beta$ -Cyclase aus Tomate (Accession X86452). (Nukleinsäure: SEQ ID NO: 19, Protein: SEQ ID NO: 20).

[0102] In den erfindungsgemäßen bevorzugten transgenen Pflanzen liegt also in dieser bevorzugten Ausführungsform gegenüber dem Wildtyp mindestens ein weiteres Hydroxylase-Gen und/oder  $\beta$ -Cyclase-Gen vor.

[0103] In dieser bevorzugten Ausführungsform weist die genetisch veränderte Pflanze beispielsweise mindestens eine exogene Nukleinsäure, kodierend eine Hydroxylase oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, kodierend eine Hydroxylase und/oder mindestens eine exogene Nukleinsäure, kodierend eine  $\beta$ -Cyclase oder mindestens zwei endogene Nukleinsäuren, kodierend eine  $\beta$ -Cyclase auf.

[0104] Bevorzugt verwendet man in vorstehend beschriebener bevorzugter Ausführungsform als Hydroxylase-Gene Nukleinsäuren, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 18 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 30 %, vorzugsweise mindestens 50 %, bevorzugter mindestens 70 %, noch bevorzugter mindestens 90 %, am bevorzugtesten mindestens 95 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ. ID. NO: 18, und die die enzymatische Eigenschaft einer Hydroxylase aufweisen.

[0105] Weitere Beispiele für Hydroxylasen und Hydroxylase-Gene lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, wie vorstehend beschrieben, durch Homologievergleiche der Aminosäuresequenzen oder der entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit der Seq ID. NO: 18 leicht auffinden.

[0106] Weitere Beispiele für Hydroxylasen und Hydroxylase-Gene lassen sich weiterhin beispielsweise ausgehend von der Sequenz SEQ ID NO: 17 aus verschiedenen Organismen deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, wie vorstehend beschrieben, durch Hybridisierungs- und PCR-Techniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.

[0107] In einer weiter besonders bevorzugten Ausführungsform werden zur Erhöhung der Hydroxylase-Aktivität Nukleinsäuren in Organismen eingebracht, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz der Hydroxylase der Sequenz SEQ ID NO: 18.

[0108] Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.

[0109] Bevorzugt werden dafür solche Codons verwendet, die entsprechend der pflanzenspezifischen codon



- usage häufig verwendet werden. Die codon usage lässt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht ermitteln.
- [0110] In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO: 17 in den Organismus ein.
- [0111] Bevorzugt verwendet man in vorstehend beschriebener bevorzugter Ausführungsform als  $\beta$ -Cyclase-Gene Nukleinsäuren, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 20 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 30 %, vorzugsweise mindestens 50 %, bevorzugter mindestens 70 %, noch bevorzugter mindestens 90 %, am bevorzugtesten mindestens 95 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 20, und die die enzymatische Eigenschaft einer  $\beta$ -Cyclase aufweisen.
- [0112] Weitere Beispiele für  $\beta$ -Cyclasen und  $\beta$ -Cyclase-Gene lassen sich beispielsweise aus verschiedenen Organismen, deren genomische Sequenz bekannt ist, wie vorstehend beschrieben durch Homologievergleiche der Aminosäuresequenzen oder der entsprechenden rückübersetzten Nukleinsäuresequenzen aus Datenbanken mit der SEQ ID NO: 20 leicht auffinden.
- [0113] Weitere Beispiele für  $\beta$ -Cyclasen und  $\beta$ -Cyclase-Gene lassen sich weiterhin beispielsweise ausgehend von der Sequenz SEQ ID NO: 19 aus verschiedenen Organismen deren genomische Sequenz nicht bekannt ist, durch Hybridisierungs- und PCR-Techniken in an sich bekannter Weise leicht auffinden.
- [0114] In einer weiter besonders bevorzugten Ausführungsform werden zur Erhöhung der  $\beta$ -Cyclase-Aktivität Nukleinsäuren in Organismen eingebracht, die Proteine kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz der  $\beta$ -Cyclase der Sequenz SEQ. ID. NO: 20.
- [0115] Geeignete Nukleinsäuresequenzen sind beispielsweise durch Rückübersetzung der Polypeptidsequenz gemäß dem genetischen Code erhältlich.
- [0116] Bevorzugt werden dafür solche Codons verwendet, die entsprechend der pflanzenspezifischen codon usage häufig verwendet werden. Die codon usage lässt sich anhand von Computerauswertungen anderer, bekannter Gene der betreffenden Organismen leicht ermitteln.
- [0117] In einer besonders bevorzugten Ausführungsform bringt man eine Nukleinsäure, enthaltend die Sequenz SEQ. ID. NO: 19 in den Organismus ein.
- [0118] Alle vorstehend erwähnten Hydroxylase-Gene oder  $\beta$ -Cyclase-Gene sind weiterhin in an sich bekannter Weise durch chemische Synthese aus den Nukleotidbausteinen wie beispielsweise durch Fragmentkondensation einzelner überlappender, komplementärer Nukleinsäurebausteine der Doppelhelix herstellbar. Die chemische Synthese von Oligonukleotiden kann beispielsweise, in bekannter Weise, nach der Phosphoramiditmethode (Voet, Voet, 2. Auflage, Wiley Press New York, Seite 896–897) erfolgen. Die Anlagerung synthetischer Oligonukleotide und Auffüllen von Lücken mithilfe des Klenow-Fragmentes der DNA-Polymerase und Ligationsreaktionen sowie allgemeine Klonierungsverfahren werden in Sambrook et al. (1989), Molecular cloning: A laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, beschrieben.
- [0119] In einer weiter bevorzugten Ausführungsform des Verfahrens weisen die Pflanzen gegenüber dem Wildtyp zusätzlich eine reduzierte  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität auf.
- [0120] Unter  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität wird die Enzymaktivität einer  $\epsilon$ -Cyclase verstanden.
- [0121] Unter einer  $\epsilon$ -Cyclase wird ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, einen endständigen, linearen Rest von Lycopin in einen  $\epsilon$ -Ionon-Ring zu überführen.
- [0122] Unter einer  $\epsilon$ -Cyclase wird daher insbesondere ein Protein verstanden, das die enzymatische Aktivität aufweist, Lycopin in  $\delta$ -Carotin umzuwandeln.
- [0123] Dementsprechend wird unter  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität die in einer bestimmten Zeit durch das Protein  $\epsilon$ -Cyclase umgesetzte Menge Lycopin bzw. gebildete Menge  $\delta$ -Carotin verstanden.
- [0124] Bei einer reduzierten  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp wird somit im Vergleich zum Wildtyp in einer bestimmten Zeit durch das Protein  $\epsilon$ -Cyclase die umgesetzte Menge Lycopin bzw. die gebildete Menge  $\delta$ -Carotin reduziert.
- [0125] Unter einer reduzierten  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität wird vorzugsweise die teilweise oder im wesentlichen vollständige, auf unterschiedliche zellbiologische Mechanismen beruhende Unterbindung oder Blockierung der Funktionalität einer  $\epsilon$ -Cyclase in einer pflanzlichen Zelle, Pflanze oder einem davon abgeleiteten Teil, Gewebe, Organ, Zellen oder Samen verstanden.
- [0126] Die Reduzierung der  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität in Pflanzen gegenüber dem Wildtyp kann beispielsweise durch Reduzierung der  $\epsilon$ -Cyclase-Proteinmenge, oder der  $\epsilon$ -Cyclase-mRNA-Menge in der Pflanze erfolgen. Dementsprechend kann eine gegenüber dem Wildtyp reduzierte  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität direkt bestimmt werden oder über die Bestimmung der  $\epsilon$ -Cyclase-Proteinmenge oder der  $\epsilon$ -Cyclase-mRNA-Menge der erfindungsgemäßen Pflanze im Vergleich zum Wildtyp erfolgen.
- [0127] Eine Reduzierung der  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität umfasst eine mengenmäßige Verringerung einer  $\epsilon$ -Cyclase bis hin zu einem im wesentlichen vollständigen Fehlen der  $\epsilon$ -Cyclase (d.h. fehlende Nachweisbarkeit von  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität oder fehlende immunologische Nachweisbarkeit der  $\epsilon$ -Cyclase). Vorzugsweise wird die  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität (bzw. die  $\epsilon$ -Cyclase-Proteinmenge oder die  $\epsilon$ -Cyclase-mRNA-Menge) in der Pflanze, besonders

bevorzugt in Blüten im Vergleich zum Wildtyp um mindestens 5 %, weiter bevorzugt um mindestens 20 %, weiter bevorzugt um mindestens 50 %, weiter bevorzugt um 100 % reduziert. Insbesondere meint "Reduzierung" auch das vollständigen Fehlen der  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität (bzw. des  $\epsilon$ -Cyclase-Proteins oder der  $\epsilon$ -Cyclase-mRNA).

[0128] Die Bestimmung der  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität in erfindungsgemäßen genetisch veränderten Pflanzen und in Wildtyp- bzw. Referenzpflanzen erfolgt vorzugsweise unter folgenden Bedingungen:

Die  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität kann nach Fraser und Sandmann (Biochem. Biophys. Res. Comm. 185(1) (1992) 9–15) in vitro bestimmt werden, wenn zu einer bestimmten Menge an Pflanzenextrakt Kaliumphosphat als Puffer (pH 7.6), Lycopin als Substrat, Stromaprotein von Paprika, NADP<sup>+</sup>, NADPH und ATP zugegeben werden.

[0129] Die Bestimmung der  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität in erfindungsgemäßen genetisch veränderten Pflanzen und in Wildtyp- bzw. Referenzpflanzen erfolgt besonders bevorzugt nach Bouvier, d'Harlingue und Camara (Molecular Analysis of carotenoid Cyclase inhibition; Arch. Biochem. Biophys. 346(1) (1997) 53–64):

Der in-vitro Assay wird in einem Volumen von 0.25 ml durchgeführt. Der Ansatz enthält 50 mM Kaliumphosphat (pH 7.6), unterschiedliche Mengen an Pflanzenextrakt, 20 nM Lycopin, 0.25 mg an chromoplastidärem Stromaprotein aus Paprika, 0.2 mM NADP<sup>+</sup>, 0.2 mM NADPH und 1 mM ATP. NADP/NADPH und ATP werden in 0.01 ml Ethanol mit 1 mg Tween 80 unmittelbar vor der Zugabe zum Inkubationsmedium gelöst. Nach einer Reaktionszeit von 60 Minuten bei 30°C wird die Reaktion durch Zugabe von Chloroform/Methanol (2:1) beendet. Die in Chloroform extrahierten Reaktionsprodukte werden mittels HPLC analysiert.

[0130] Ein alternativer Assay mit radioaktivem Substrat ist beschrieben in Fraser und Sandmann (Biochem. Biophys. Res. Comm. 185(1) (1992) 9–15). Eine weitere analytische Methode ist beschrieben in Beyer, Kröncke und Nievelstein (On the mechanism of the lycopene isomerase/Cyclase reaction in *Narcissus pseudonarcissus* L. chromoplast; J. Biol. Chem. 266(26) (1991) 17072–17078).

[0131] Vorzugsweise erfolgt die Reduzierung der  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität in Pflanzen durch mindestens eines der nachfolgenden Verfahren:

- a) Einbringen mindestens einer doppelsträngigen  $\epsilon$ -Cyclase Ribonukleinsäuresequenz, nachstehend auch  $\epsilon$ -Cyclase-dsRNA genannt, oder einer deren Expression gewährleistenden Expressionskassette oder Expressionskassetten. Umfasst sind solche Verfahren, bei denen die  $\epsilon$ -Cyclase-dsRNA gegen ein  $\epsilon$ -Cyclase-Gen (also genomische DNA-Sequenzen wie die Promotorsequenz) oder ein  $\epsilon$ -Cyclase-Transkript (also mRNA-Sequenzen) gerichtet ist,
- b) Einbringen mindestens einer  $\epsilon$ -Cyclase antisense-Ribonukleinsäuresequenz, nachstehend auch  $\epsilon$ -Cyclase-antisenseRNA genannt, oder einer deren Expression gewährleistenden Expressionskassette. Umfasst sind solche Verfahren, bei denen die  $\epsilon$ -Cyclase-antisenseRNA gegen ein  $\epsilon$ -Cyclase-Gen (also genomische DNA-Sequenzen) oder ein  $\epsilon$ -Cyclase-Gentranskript (also RNA-Sequenzen) gerichtet ist. Umfasst sind auch  $\epsilon$ -anomere Nukleinsäuresequenzen,
- c) Einbringen mindestens einer  $\epsilon$ -Cyclase-antisenseRNA kombiniert mit einem Ribozym oder einer deren Expression gewährleistenden Expressionskassette
- d) Einbringen mindestens einer  $\epsilon$ -Cyclase sense-Ribonukleinsäuresequenz, nachstehend auch  $\epsilon$ -Cyclase-senseRNA genannt, zur Induktion einer Kosuppression oder einer deren Expression gewährleistenden Expressionskassette
- e) Einbringen mindestens eines DNA- oder Protein-bindenden Faktors gegen ein  $\epsilon$ -Cyclase-Gen, -RNA oder -Protein oder einer dessen Expression gewährleistenden Expressionskassette
- f) Einbringen mindestens einer den  $\epsilon$ -Cyclase RNA-Abbau bewirkenden viralen Nukleinsäuresequenz oder einer deren Expression gewährleistenden Expressionskassette
- g) Einbringen mindestens eines Konstruktes zur Erzeugung eines Funktionsverlustes, wie beispielsweise die Generierung von Stopp-Kodons oder eine Verschiebungen im Leseraster, an einem  $\epsilon$ -Cyclase-Gen beispielsweise durch Erzeugung einer Insertion, Deletion, Inversion oder Mutation in einem  $\epsilon$ -Cyclase-Gen. Bevorzugt können Knockout-Mutanten mittels gezielter Insertion in besagtes  $\epsilon$ -Cyclase-Gen durch homologe Rekombination oder Einbringen von sequenzspezifischen Nukleasen gegen  $\epsilon$ -Cyclase-Gensequenzen generiert werden.

[0132] Dem Fachmann ist bekannt, dass auch weitere Verfahren im Rahmen der vorliegenden Erfindung zur Verminderung einer  $\epsilon$ -Cyclase bzw. seiner Aktivität oder Funktion eingesetzt werden können.

[0133] Beispielsweise kann auch das Einbringen einer dominant-negativen Variante einer  $\epsilon$ -Cyclase oder einer deren Expression gewährleistenden Expressionskassette vorteilhaft sein. Dabei kann jedes einzelne dieser Verfahren eine Verminderung der Proteinmenge, mRNA-Menge und/oder Aktivität einer  $\epsilon$ -Cyclase bewirken. Auch eine kombinierte Anwendung ist denkbar. Weitere Methoden sind dem Fachmann bekannt und können die Behinderung oder Unterbindung der Prozessierung der  $\epsilon$ -Cyclase, des Transports der  $\epsilon$ -Cyclase oder dessen mRNA, Hemmung der Ribosomenanlagerung, Hemmung des RNA-Spleißens, Induktion eines  $\epsilon$ -Cyclase-RNA abbauenden Enzyms und/oder Hemmung der Translationselongation oder -termination umfassen.

[0134] Die einzelnen bevorzugten Verfahren seien infolge durch beispielhafte Ausführungsformen beschrie-

ben:

a) Einbringen einer doppelsträngigen  $\epsilon$ -Cyclase-Ribonukleinsäuresequenz ( $\epsilon$ -Cyclase-dsRNA)

[0135] Das Verfahren der Genregulation mittels doppelsträngiger RNA ("double-stranded RNA interference"; dsRNAi) ist bekannt und beispielsweise in Matzke MA et al. (2000) Plant Mol Biol 43: 401–415; Fire A. et al (1998) Nature 391: 806–811; WO 99/32619; WO 99/53050; WO 00/68374; WO 00/44914; WO 00/44895; WO 00/49035 oder WO 00/63364 beschrieben. Auf die in den angegebenen Zitaten beschriebenen Verfahren und Methoden wird hiermit ausdrücklich Bezug genommen.

[0136] Unter "Doppelsträngiger Ribonukleinsäuresequenz" wird erfindungsgemäß eine oder mehr Ribonukleinsäuresequenzen, die aufgrund komplementärer Sequenzen theoretisch, beispielsweise gemäß den Basenpaarregeln von Watson und Crick und/oder faktisch, beispielsweise aufgrund von Hybridisierungsexperimenten, in vitro und/oder in vivo in der Lage sind, doppelsträngige RNA-Strukturen auszubilden.

[0137] Dem Fachmann ist bewusst, dass die Ausbildung von doppelsträngigen RNA-Strukturen, einen Gleichgewichtszustand darstellt. Bevorzugt ist das Verhältnis von doppelsträngigen Molekülen zu entsprechenden dissoziierten Formen mindestens 1 zu 10, bevorzugt 1:1, besonders bevorzugt 5:1, am meisten bevorzugt 10:1.

[0138] Unter einer doppelsträngigen  $\epsilon$ -Cyclase-Ribonukleinsäuresequenz oder auch  $\epsilon$ -Cyclase-dsRNA wird vorzugsweise ein RNA-Molekül verstanden, das einen Bereich mit Doppel-Strang-Struktur aufweist und in diesem Bereich eine Nukleinsäuresequenz enthält, die

- a) mit mindestens einem Teil des Pflanze eigenen  $\epsilon$ -Cyclase-Transkripts identisch ist und/oder
- b) mit mindestens einem Teil der Pflanze eigenen  $\epsilon$ -Cyclase-Promotor-Sequenz identisch ist.

[0139] Im erfindungsgemäßen Verfahren bringt man daher zur Reduzierung der  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität bevorzugt in die Pflanze eine RNA ein, die einen Bereich mit Doppel-Strang-Struktur aufweist und in diesem Bereich eine Nukleinsäuresequenz enthält, die

- a) mit mindestens einem Teil des Pflanze eigenen  $\epsilon$ -Cyclase-Transkripts identisch ist und/oder
- b) mit mindestens einem Teil der Pflanze eigenen  $\epsilon$ -Cyclase-Promotor-Sequenz identisch ist.

[0140] Unter dem Begriff " $\epsilon$ -Cyclase-Transkript" wird der transkripierte Teil eines  $\epsilon$ -Cyclase-Gens verstanden, der neben der  $\epsilon$ -Cyclase kodierenden Sequenz beispielsweise auch nichtkodierende Sequenzen, wie beispielsweise auch UTRs enthält.

[0141] Unter einer RNA, die "mit mindestens einem Teil der Pflanze eigenen  $\epsilon$ -Cyclase-Promotor-Sequenz identisch ist", ist vorzugsweise gemeint, dass die RNA-Sequenz mit mindestens einem Teil des theoretischen Transkriptes der  $\epsilon$ -Cyclase-Promotor-Sequenz, also der entsprechenden RNA-Sequenz, identisch ist.

[0142] Unter "einem Teil" des Pflanze eigenen  $\epsilon$ -Cyclase-Transkripts bzw. der Pflanze eigenen  $\epsilon$ -Cyclase-Promotor-Sequenz werden Teilsequenzen verstanden, die von wenigen Basenpaaren bis hin zu vollständigen Sequenzen des Transkripts bzw. der Promotorsequenz reichen können. Die optimale Länge der Teilsequenzen kann der Fachmann durch Routineversuche leicht ermitteln.

[0143] In der Regel beträgt die Länge der Teilsequenzen mindestens 10 Basen und höchstens 2 kb, bevorzugt mindestens 25 Basen und höchstens 1,5 kb, besonders bevorzugt mindestens 50 Basen und höchstens 600 Basen, ganz besonders bevorzugt mindestens 100 Basen und höchstens 500, am meisten bevorzugt mindestens 200 Basen oder mindestens 300 Basen und höchstens 400 Basen.

[0144] Vorzugsweise werden die Teilsequenzen so ausgesucht, dass eine möglichst hohe Spezifität erreicht wird und nicht Aktivitäten anderer Enzyme reduziert werden, deren Verminderung nicht erwünscht ist. Es ist daher vorteilhaft für die Teilsequenzen der  $\epsilon$ -CyclasedsRNA Teile des  $\epsilon$ -Cyclase Transkripts und/oder Teilsequenzen der  $\epsilon$ -Cyclase-Promotor-Sequenzen zu wählen, die nicht in anderen Aktivitäten auftreten.

[0145] In einer besonders bevorzugten Ausführungsform enthält daher die  $\epsilon$ -Cyclase-dsRNA eine Sequenz, die mit einem Teil der Pflanze eigenen  $\epsilon$ -Cyclase-Transkripts identisch ist und das 5'-Ende oder das 3'-Ende der Pflanze eigenen Nukleinsäure, codierend eine  $\epsilon$ -Cyclase enthält. Insbesondere sind nichttranslatierte Bereiche im 5' oder 3' des Transkriptes geeignet, selektive Doppel-Strang-Strukturen herzustellen.

[0146] Ein weiterer Gegenstand der Erfindung bezieht sich auf doppelsträngige RNA-Moleküle (dsRNA-Moleküle), die bei Einbringen in einen pflanzlichen Organismus (oder eine davon abgeleitete Zelle, Gewebe, Organ oder Vermehrungsmaterial) die Verminderung einer  $\epsilon$ -Cyclase bewirken.

[0147] Ein doppelsträngige RNA-Molekül zur Reduzierung der Expression einer  $\epsilon$ -Cyclase ( $\epsilon$ -Cyclase-dsRNA) umfasst dabei bevorzugt

- a) einen "sense"-RNA-Strang umfassend mindestens eine Ribonukleotidsequenz, die im wesentlichen identisch ist zu mindestens einem Teil eines "sense"-RNA- $\epsilon$ -Cyclase Transkriptes, und
- b) einen "antisense"-RNA-Strang, der zu dem RNA-"sense"-Strang unter a) im wesentlichen, bevorzugt vollständig, komplementären ist.

[0148] Zur Transformation der Pflanze mit einer  $\epsilon$ -Cyclase-dSRNA wird bevorzugt ein Nukleinsäurekonstrukt verwendet, das in die Pflanze eingebracht wird und das in der Pflanze in die  $\epsilon$ -Cyclase-dSRNA transkribiert wird.

[0149] Daher betrifft die vorliegende Erfindung auch ein Nukleinsäurekonstrukt, transkribierbar in

- a) einen "sense"-RNA-Strang umfassend mindestens eine Ribonukleotidsequenz, die im wesentlichen identisch ist zu mindestens einem Teil des "sense"-RNA- $\epsilon$ -Cyclase Transkriptes, und
- b) einen "antisense"-RNA-Strang, der zu dem RNA-sense-Strang unter a) im wesentlichen – bevorzugt vollständig – komplementär ist.

[0150] Diese Nukleinsäurekonstrukte werden im folgenden auch Expressionskassetten oder Expressionsvektoren genannt.

[0151] In Bezug auf die dsRNA-Moleküle wird unter  $\epsilon$ -Cyclase-Nukleinsäuresequenz, bzw. das entsprechende Transkript bevorzugt die Sequenz gemäß SEQ ID NO: 38 oder ein Teil derselben verstanden.

[0152] "Im wesentlichen identisch" meint, dass die dSRNA Sequenz auch Insertionen, Deletionen sowie einzelne Punktmutationen im Vergleich zu der  $\epsilon$ -Cyclase Zielsequenz aufweisen kann und dennoch eine effizient Verminderung der Expression bewirkt. Bevorzugt beträgt die Homologie mindestens 75 %, bevorzugt mindestens 80 %, ganz besonders bevorzugt mindestens 90 % am meisten bevorzugt 100 % zwischen dem "sense"-Strang einer inhibitorischen dsRNA und mindestens einem Teil des "sense"-RNA-Transkriptes eines  $\epsilon$ -Cyclase-Gens, bzw. zwischen dem "antisense"-Strang dem komplementären Strang eines  $\epsilon$ -Cyclase-Gens.

[0153] Eine 100%ige Sequenzidentität zwischen dsRNA und einem  $\epsilon$ -Cyclase Gentranskript ist nicht zwingend erforderlich, um eine effiziente Verminderung der  $\epsilon$ -Cyclase Expression zu bewirken. Demzufolge besteht der Vorteil, dass das Verfahren tolerant ist gegenüber Sequenzabweichungen, wie sie infolge genetischer Mutationen, Polymorphismen oder evolutionärer Divergenzen vorliegen können. So ist es beispielsweise möglich mit der dSRNA, die ausgehend von der  $\epsilon$ -Cyclase Sequenz des einen Organismus generiert wurde, die  $\epsilon$ -Cyclase Expression in einem anderen Organismus zu unterdrücken. Zu diesem Zweck umfasst die dSRNA bevorzugt Sequenzbereiche von  $\epsilon$ -Cyclase-Gentranskripten, die konservierten Bereichen entsprechen. Besagte konservierte Bereiche können aus Sequenzvergleichen leicht abgeleitet werden.

[0154] Alternativ, kann eine "im wesentlichen identische" dSRNA auch als Nukleinsäuresequenz definiert werden, die befähigt ist, mit einem Teil eines  $\epsilon$ -Cyclase Gentranskriptes zu hybridisieren (z.B. in 400 mM NaCl, 40 mM PIPES pH 6,4, 1 mM EDTA bei 50°C oder 70°C für 12 bis 16 h).

[0155] "Im wesentlichen komplementär" meint, dass der "antisense"-RNA-Strang auch Insertionen, Deletionen sowie einzelne Punktmutationen im Vergleich zu dem Komplement des "sense"-RNA-Stranges aufweisen kann. Bevorzugt beträgt die Homologie mindestens 80 %, bevorzugt mindestens 90 %, ganz besonders bevorzugt mindestens 95 %, am meisten bevorzugt 100 % zwischen dem "antisense"-RNA-Strang und dem Komplement des "sense"-RNA-Stranges.

[0156] In einer weiteren Ausführungsform umfasst die  $\epsilon$ -Cyclase-dsRNA

- a) einen "sense"-RNA-Strang umfassend mindestens eine Ribonukleotidsequenz, die im wesentlichen identisch ist zu mindestens einem Teil des "sense"-RNA-Transkriptes des Promotorbereichs eines  $\epsilon$ -Cyclase-Gens, und
- b) einen "antisense"-RNA-Strang, der zu dem RNA-"sense"-Strang unter a) im wesentlichen – bevorzugt vollständig – komplementären ist.

[0157] Das entsprechende, bevorzugt zur Transformation der Pflanzen zu verwendende, Nukleinsäurekonstrukt, umfasst

- a) einen "sense"-DNA-Strang der im wesentlichen identisch ist zu mindestens einem Teil des Promotorbereichs eines  $\epsilon$ -Cyclase-Gens, und
- b) einen "antisense"-DNA-Strang, der zu dem DNA-"sense"-Strang unter a) im wesentlichen – bevorzugt vollständig – komplementär ist.

[0158] Vorzugsweise wird unter dem Promotorbereich einer  $\epsilon$ -Cyclase eine Sequenz gemäß SEQ ID NO: 47 oder ein Teil der selben verstanden.

[0159] Zur Herstellung der  $\epsilon$ -Cyclase-dsRNA-Sequenzen zur Reduzierung der  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität werden, insbesondere für *Tagetes erecta*, besonders bevorzugt die folgenden Teil-Sequenzen verwendet:

- SEQ ID NO: 40: Sense-Fragment der 5'terminalen Region der  $\epsilon$ -Cyclase
- SEQ ID NO: 41: Antisense-Fragment der 5'terminalen Region der  $\epsilon$ -Cyclase
- SEQ ID NO: 42: Sense-Fragment der 3'terminalen Region der  $\epsilon$ -Cyclase
- SEQ ID NO: 43: Antisense-Fragment der 3'terminalen Region der  $\epsilon$ -Cyclase
- SEQ ID NO: 47: Sense-Fragment des  $\epsilon$ -Cyclase-Promotors
- SEQ ID NO: 48: Antisense-Fragment des  $\epsilon$ -Cyclase-Promotors

[0160] Die dsRNA kann aus einem oder mehr Strängen von Polyribonukleotiden bestehen. Natürlich können,

um den gleichen Zweck zu erreichen, auch mehrere individuelle dSRNA Moleküle, die jeweils einen der oben definierten Ribonukleotidsequenzabschnitte umfassen, in die Zelle oder den Organismus eingebracht werden. [0161] Die doppelsträngige dsRNA-Struktur kann ausgehend von zwei komplementären, separaten RNA-Strängen oder – bevorzugt – ausgehend von einem einzelnen, selbstkomplementären RNA-Strang gebildet werden. In diesem Fall sind "sense"-RNA-Strang und "antisense"-RNA-Strang bevorzugt kovalent in Form eines invertierten "Repeats" miteinander verbunden.

[0162] Wie z.B. in WO 99/53050 beschrieben, kann die dsRNA auch eine Haarnadelstruktur umfassen, indem "sense"- und "antisense"-Strang durch eine verbindende Sequenz ("Linker"; beispielsweise ein Intron) verbunden werden. Die selbstkomplementären dsRNA-Strukturen sind bevorzugt, da sie lediglich die Expression einer RNA-Sequenz erfordern und die komplementären RNA-Stränge stets in einem äquimolaren Verhältnis umfassen. Bevorzugt ist die verbindende Sequenz ein Intron (z.B. ein Intron des ST-LS1 Gens aus Kartoffel; Van-canneyt GF et al. (1990) Mol Gen Genet 220(2): 245–250).

[0163] Die Nukleinsäuresequenz kodierend für eine dSRNR kann weitere Elemente beinhalten, wie beispielsweise Transkriptionsterminationssignale oder Polyadenylierungssignale.

[0164] Ist die dsRNA jedoch gegen die Promotorsequenz einer  $\epsilon$ -Cyclase gerichtet, so umfasst sie bevorzugt keine Transkriptionsterminationssignale oder Polyadenylierungssignale. Dies ermöglicht eine Retention der dsRNA im Nukleus der Zelle und verhindert eine Verteilung der dsRNA in der gesamten Pflanze "Spreading").

[0165] Sollen die zwei Stränge der dsRNA in einer Zelle oder Pflanze zusammengebracht werden, so kann dies beispielhaft auf folgende Art geschehen:

- a) Transformation der Zelle oder Pflanze mit einem Vektor, der beide Expressionskassetten umfasst,
- b) Kotransformation der Zelle oder Pflanze mit zwei Vektoren, wobei der eine die Expressionskassetten mit dem "sense"-Strang, der andere die Expressionskassetten mit dem "antisense"-Strang umfasst.
- c) Kreuzung von zwei individuellen Pflanzenlinien, wobei die eine die Expressionskassetten mit dem "sense"-Strang, die andere die Expressionskassetten mit dem "antisense"-Strang umfasst.

[0166] Die Bildung der RNA Duplex kann entweder außerhalb der Zelle oder innerhalb derselben initiiert werden.

[0167] Die dSRNA kann entweder in vivo oder in vitro synthetisiert werden. Dazu kann eine DNA-Sequenz kodierend für eine dsRNA in eine Expressionskassette unter Kontrolle mindestens eines genetischen Kontrollelementes (wie beispielsweise einem Promotor) gebracht werden. Eine Polyadenylierung ist nicht erforderlich, ebenso müssen keine Elemente zur Initiierung einer Translation vorhanden sein. Bevorzugt ist die Expressionskassette für die MP-dsRNA auf dem Transformationskonstrukt oder dem Transformationsvektor enthalten.

[0168] In einer besonders bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Expression der dsRNA ausgehend von einem Expressionskonstrukt unter funktioneller Kontrolle eines blütenesspezifischen Promotors, besonders bevorzugt unter der Kontrolle des Promotors beschrieben durch SEQ ID NO: 28 oder eines funktionell äquivalenten Teils desselben.

[0169] Die Expressionskassetten kodierend für den "antisense"- und/oder den "sense"-Strang einer  $\epsilon$ -Cyclase-dsRNA oder für den selbstkomplementären-Strang der dsRNA, werden dazu bevorzugt in einen Transformationsvektor inseriert und mit den unten beschriebenen Verfahren in die pflanzliche Zelle eingebracht. Für das erfindungsgemäße Verfahren ist eine stabile Insertion in das Genom vorteilhaft.

[0170] Die dsRNA kann in einer Menge eingeführt werden, die zumindest eine Kopie pro Zelle ermöglicht. Höhere Mengen (z. B. mindestens 5, 10, 100, 500 oder 1000 Kopien pro Zelle) können ggf. eine effizienter Verminderung bewirken.

#### b) Einbringen einer antisense-Ribonukleinsäuresequenz einer $\epsilon$ -Cyclase ( $\epsilon$ -Cyclase-antisenseRNA)

[0171] Verfahren zur Verminderung eines bestimmten Proteins durch die "antisense"-Technologie sind vielfach – auch in Pflanzen – beschrieben (Sheehy et al. (1988) Proc Natl Acad Sci USA 85: 8805–8809; US 4,801,340; Mol JN et al. (1990) FEBS Lett 268(2): 427–430). Das antisense Nukleinsäuremolekül hybridisiert bzw. bindet mit der zellulären mRNA und/oder genomischen DNA kodierend für das zu verminderte  $\epsilon$ -Cyclase. Dadurch wird die Transkription und/oder Translation der  $\epsilon$ -Cyclase unterdrückt. Die Hybridisierung kann auf konventionelle Art über die Bildung einer stabilen Duplex oder – im Fall von genomischer DNA – durch Bindung des antisense Nukleinsäuremoleküls mit der Duplex der genomischen DNA durch spezifische Wechselwirkung in der großen Furche der DNA-Helix entstehen.

[0172] Eine  $\epsilon$ -Cyclase-antisenseRNA kann unter Verwendung der für diese  $\epsilon$ -Cyclase kodierenden Nukleinsäuresequenz, beispielsweise der Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NO: 38 nach den Basenpaarregeln von Watson und Crick abgeleitet werden. Die  $\epsilon$ -Cyclase-antisenseRNA kann zu der gesamten transkribierten mRNA der  $\epsilon$ -Cyclase komplementär sein, sich auf die kodierende Region beschränken oder nur aus einem Oligonukleotid bestehen, das zu einem Teil der kodierenden oder nicht-kodierenden Sequenz der mRNA komplementär ist. So kann das Oligonukleotid beispielsweise komplementär zu der Region sein, die den Translations-

start für die  $\epsilon$ -Cyclase umfasst. Die  $\epsilon$ -Cyclase-antisenseRNA kann eine Länge von zum Beispiel 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45 oder 50 Nukleotide haben, kann aber auch länger sein und mindestens 100, 200, 500, 1000, 2000 oder 5000 Nukleotide umfassen.  $\epsilon$ -Cyclase-antisenseRNAs werden im Rahmen des erfindungsgemäßen Verfahrens bevorzugt rekombinant in der Zielzelle exprimiert.

[0173] Ein weiterer Gegenstand der Erfindung betrifft transgene Expressionskassetten enthaltend eine Nukleinsäuresequenz kodierend für zumindest einen Teil einer  $\epsilon$ -Cyclase, wobei besagte Nukleinsäuresequenz mit einem in pflanzlichen Organismen funktionellen Promotor in antisense-Orientierung funktionell verknüpft ist. In einer besonders bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Expression der antisenseRNA ausgehend von einem Expressionskonstrukt unter funktioneller Kontrolle eines blütespezifischen Promotors, besonders bevorzugt unter der Kontrolle des Promotors beschrieben durch SEQ ID NO: 28 oder eines funktionell äquivalenten Teils desselben.

[0174] Besagte Expressionskassetten können Teil eines Transformationskonstruktes oder Transformationsvektors sein, oder aber auch im Rahmen einer Kointransformation eingeführt werden.

[0175] In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform kann die Expression einer  $\epsilon$ -Cyclase durch Nukleotidsequenzen inhibiert werden, die komplementär zu der regulatorischen Region eines  $\epsilon$ -Cyclase-Gens (z.B. einem  $\epsilon$ -Cyclase Promoter und/oder Enhancer) sind und triplehelikale Strukturen mit der dortigen DNA-Doppelhelix ausbilden, so dass die Transkription des  $\epsilon$ -Cyclase-Gens reduziert wird. Entsprechende Verfahren sind beschrieben (Helene C (1991) *Anticancer Drug Res* 6(6): 569–84; Helene C et al. (1992) *Ann NY Acad Sci* 660: 27–36; Maher LJ (1992) *Bioassays* 14(12): 807–815).

[0176] In einer weiteren Ausführungsform kann die  $\epsilon$ -Cyclase-antisenseRNA eine  $\alpha$ -anomere Nukleinsäure sein. Derartige  $\alpha$ -anomere Nukleinsäuremoleküle bilden spezifische doppelsträngige Hybride mit komplementärer RNA in denen, – im Unterschied zu den konventionellen  $\beta$ -Nukleinsäuren – die beiden Stränge parallel zueinander verlaufen (Gautier C et al. (1987) *Nucleic Acids Res* 15:6625–6641).

#### c) Einbringen einer $\epsilon$ -Cyclase-antisenseRNA kombiniert mit einem Ribozym

[0177] Vorteilhaft kann die oben beschriebene antisense-Strategie mit einem Ribozym-Verfahren gekoppelt werden. Katalytische RNA-Moleküle oder Ribozyme können an jede beliebige Ziel-RNA angepasst werden und spalten das Phosphodiester-Gerüst an spezifischen Positionen, wodurch die Ziel-RNA funktionell deaktiviert wird (Tanner NK (1999) *FEMS Microbiol Rev* 23(3): 257–275). Das Ribozym wird dadurch nicht selber modifiziert, sondern ist in der Lage, weitere Ziel-RNA-Moleküle analog zu spalten, wodurch es die Eigenschaften eines Enzyms erhält. Der Einbau von Ribozymsequenzen in "antisense"-RNAs verleiht eben diesen "antisense"-RNAs diese enzymähnliche, RNA-spaltende Eigenschaft und steigert so deren Effizienz bei der Inaktivierung der Ziel-RNA. Die Herstellung und Verwendung entsprechender Ribozym-"antisense"-RNA-Moleküle ist beschrieben (u.a. bei Haselhoff et al. (1988) *Nature* 334: 585–591; Haselhoff und Gerlach (1988) *Nature* 334: 585–591; Steinecke P et al. (1992) *EMBO J* 11(4): 1525–1530; de Feyter R et al. (1996) *Mol Gen Genet* 250(3): 329–338).

[0178] Auf diese Art können Ribozyme (z.B. "Hammerhead"-Ribozyme; Haselhoff und Gerlach (1988) *Nature* 334: 585–591) verwendet werden, um die mRNA eines zu vermindernenden  $\epsilon$ -Cyclases katalytisch zu spalten und so die Translation zu verhindern. Die Ribozym-Technologie kann die Effizienz einer antisense-Strategie erhöhen. Verfahren zur Expression von Ribozymen zur Verminderung bestimmter Proteine sind beschrieben in (EP 0 291 533, EP 0 321 201, EP 0 360 257). In pflanzlichen Zellen ist eine Ribozym-Expression ebenfalls beschrieben (Steinecke P et al. (1992) *EMBO J* 11(4): 1525–1530; de Feyter R et al. (1996) *Mol Gen Genet* 250(3): 329–338). Geeignete Zielsequenzen und Ribozyme können zum Beispiel wie bei "Steinecke P, Ribozymes, *Methods in Cell Biology* 50, Galbraith et al. eds, Academic Press, Inc. (1995), S. 449–460" beschrieben, durch Sekundärstrukturberechnungen von Ribozym- und Ziel-RNA sowie durch deren Interaktion bestimmt werden (Bayley CC et al. (1992) *Plant Mol Biol* 18(2): 353–361; Lloyd AM and Davis RW et al. (1994) *Mol Gen Genet* 242(6): 653–657). Beispielsweise können Derivate der Tetrahymena L-19 IVS RNA konstruiert werden, die komplementäre Bereiche zu der mRNA des zu supprimierenden  $\epsilon$ -Cyclases aufweisen (siehe auch US 4,987,071 und US 5,116,742). Alternativ können solche Ribozyme auch über einen Selektionsprozess aus einer Bibliothek diverser Ribozyme identifiziert werden (Bartel D und Szostak JW (1993) *Science* 261: 1411–1418).

#### d) Einbringen einer sense-Ribonukleinsäuresequenz einer $\epsilon$ -Cyclase ( $\epsilon$ -Cyclase-senseRNA) zur Induktion einer Kosuppression

[0179] Die Expression einer  $\epsilon$ -Cyclase Ribonukleinsäuresequenz (oder eines Teils derselben) in sense-Orientierung kann zu einer Kosuppression des entsprechenden  $\epsilon$ -Cyclase-Gens führen. Die Expression von sense-RNA mit Homologie zu einem endogenen  $\epsilon$ -Cyclasegen kann die Expression desselben vermindern oder ausschalten, ähnlich wie es für antisense Ansätze beschrieben wurde (Jorgensen et al. (1996) *Plant Mol Biol*



31(5): 957–973; Goring et al. (1991) *Proc Natl Acad Sci USA* 88: 1770–1774; Smith et al. (1990) *Mol Gen Genet* 224: 447–481; Napoli et al. (1990) *Plant Cell* 2: 279–289; Van der Krol et al. (1990) *Plant Cell* 2: 291–99). Dabei kann das eingeführte Konstrukt das zu vermindern, homologe Gen ganz oder nur teilweise repräsentieren. Die Möglichkeit zur Translation ist nicht erforderlich. Die Anwendung dieser Technologie auf Pflanzen ist beschrieben (z.B. Napoli et al. (1990) *Plant Cell* 2: 279–289; in US 5,034,323).

[0180] Bevorzugt wird die Kosuppression unter Verwendung einer Sequenz realisiert, die im wesentlichen identisch ist zu zumindest einem Teil der Nukleinsäuresequenz kodierend für eine  $\epsilon$ -Cyclase, beispielsweise der Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NO: 38. Bevorzugt ist die  $\epsilon$ -Cyclase-senseRNA so gewählt, dass es nicht zu einer Translation der  $\epsilon$ -Cyclase oder eines Teils desselben kommen kann. Dazu kann beispielsweise der 5'-untranslatierte oder 3'-untranslatierte Bereich gewählt oder aber das ATG-Startkodon deletiert oder mutiert werden.

#### e) Einbringen von DNA-oder Protein-bindende Faktoren gegen $\epsilon$ -Cyclase Gene, -RNAs oder Proteine

[0181] Eine Verminderung einer  $\epsilon$ -Cyclase Expression ist auch mit spezifischen DNA-bindenden Faktoren z.B. mit Faktoren vom Typ der Zinkfingertranskriptionsfaktoren möglich. Diese Faktoren lagern sich an die genomische Sequenz des endogenen Zielgens, bevorzugt in den regulatorischen Bereichen, an und bewirken eine Verminderung der Expression. Entsprechende Verfahren zur Herstellung entsprechender Faktoren sind beschrieben (Dreier B et al. (2001) *J Biol Chem* 276(31): 29466–78; Dreier B et al. (2000) *J Mol Biol* 303(4): 489–502; Beerli RR et al. (2000) *Proc Natl Acad Sci USA* 97 (4): 1495–1500; Beerli RR et al. (2000) *J Biol Chem* 275(42): 32617–32627; Segal DJ and Barbas CF 3rd. (2000) *Curr Opin Chem Biol* 4(1): 34–39; Kang JS and Kim JS (2000) *J Biol Chem* 275(12): 8742–8748; Beerli RR et al. (1998) *Proc Natl Acad Sci USA* 95(25): 14628–14633; Kim JS et al. (1997) *Proc Natl Acad Sci USA* 94(8): 3616–3620; Klug A (1999) *J Mol Biol* 293(2): 215–218; Tsai SY et al. (1998) *Adv Drug Deliv Rev* 30(1-3): 23–31; Mapp AK et al. (2000) *Proc Natl Acad Sci USA* 97(8): 3930–3935; Sharrocks AD et al. (1997) *Int J Biochem Cell Biol* 29(12): 1371–1387; Zhang L et al. (2000) *J Biol Chem* 275(43): 33850–33860).

[0182] Die Selektion dieser Faktoren kann unter Verwendung eines beliebigen Stückes eines  $\epsilon$ -Cyclase-Gens erfolgen. Bevorzugt liegt dieser Abschnitt im Bereich der Promotorregion. Für eine Genunterdrückung kann er aber auch im Bereich der kodierenden Exons oder Introns liegen.

[0183] Ferner können Faktoren in eine Zelle eingebracht werden, die die  $\epsilon$ -Cyclase selber inhibieren. Diese proteinbindenden Faktoren können z.B. Aptamere (Famulok M und Mayer G (1999) *Curr Top Microbiol Immunol* 243: 123–36) oder Antikörper bzw. Antikörperfragmente oder einzelkettige Antikörper sein. Die Gewinnung dieser Faktoren ist beschrieben (Owen M et al. (1992) *Biotechnology (N Y)* 10(7): 790–794; Franken E et al. (1997) *Curr Opin Biotechnol* 8(4): 411–416; Whitelam (1996) *Trend Plant Sci* 1: 286–272).

#### f) Einbringen von den $\epsilon$ -Cyclase RNA-Abbau bewirkenden viralen Nukleinsäuresequenzen und Expressionskonstrukten

[0184] Die  $\epsilon$ -Cyclase Expression kann effektiv auch durch Induktion des spezifischen  $\epsilon$ -Cyclase RNA-Abbaus durch die Pflanze mit Hilfe eines viralen Expressionssystems (Amplikon; Angell SM et al. (1999) *Plant J* 20(3): 357–362) realisiert werden. Diese Systeme – auch als "VIGS" (viral induced gene silencing) bezeichnet – bringen Nukleinsäuresequenzen mit Homologie zu dem Transkript einer zu vermindern  $\epsilon$ -Cyclase mittels viraler Vektoren in die Pflanze ein. Die Transkription wird sodann – vermutlich mediert durch pflanzliche Abwehrmechanismen gegen Viren – abgeschaltet. Entsprechende Techniken und Verfahren sind beschrieben (Ratcliff F et al. (2001) *Plant J* 25(2): 237–45; Fagard M und Vaucheret H (2000) *Plant Mol Biol* 43(2-3): 285–93; Anandalakshmi R et al. (1998) *Proc Natl Acad Sci USA* 95(22): 13079–84; Ruiz MT (1998) *Plant Cell* 10(6): 937–46).

[0185] Bevorzugt wird die VIGS-vermittelte Verminderung unter Verwendung einer Sequenz realisiert, die im wesentlichen identisch ist zu zumindest einem Teil der Nukleinsäuresequenz kodierend für ein  $\epsilon$ -Cyclase, beispielsweise der Nukleinsäuresequenz gemäß SEQ ID NO: 1.

#### g) Einbringen von Konstrukten zur Erzeugung eines Funktionsverlustes oder einer Funktionsminderung an $\epsilon$ -Cyclase-Genen

[0186] Dem Fachmann sind zahlreiche Verfahren bekannt, wie genomische Sequenzen gezielt modifiziert werden können. Dazu zählen insbesondere Verfahren wie die Erzeugung von Knockout-Mutanten mittels gezielter homologen Rekombination z.B. durch Generierung von Stopp-Kodons, Verschiebungen im Leseraster etc. (Hohn B und Puchta H (1999) *Proc Natl Acad Sci USA* 96: 8321–8323) oder die gezielte Deletion oder Inversion von Sequenzen mittels z.B. sequenzspezifischer Rekombinasen oder Nukleasen (s.u.) Die Verminderung der  $\epsilon$ -Cyclase-Menge, -Funktion und/oder -Aktivität kann auch durch eine gezielte Insertion von Nukleinsäuresequenzen (z.B. der im Rahmen der erfindungsgemäßen Verfahrens zu insertierenden Nukleinsäu-

resequenz) in die Sequenz kodierend für eine  $\epsilon$ -Cyclase (z.B. mittels intermolekularer homologer Rekombination) realisiert werden. Im Rahmen dieser Ausführungsform verwendet man bevorzugt ein DNA-Konstrukt, das zumindest einen Teil der Sequenz eines  $\epsilon$ -Cyclasegens oder benachbarter Sequenzen umfasst, und so mit diesen in der Zielzelle gezielt rekombinieren kann, so dass durch eine Deletion, Addition oder Substitution mindestens eines Nukleotids das  $\epsilon$ -Cyclase-Gen so verändert wird, dass die Funktionalität des  $\epsilon$ -Cyclase-Gens reduziert oder gänzlich aufgehoben wird. Die Veränderung kann auch die regulativen Elemente (z.B. den Promotor) des  $\epsilon$ -Cyclase-Gens betreffen, so dass die kodierende Sequenz unverändert bleibt, eine Expression (Transkription und/oder Translation) jedoch unterbleibt und reduziert wird. Bei der konventionellen homologen Rekombination ist die zu insertierende Sequenz an ihrem 5'- und/oder 3'-Ende von weiteren Nukleinsäuresequenzen (A' bzw. B') flankiert, die eine ausreichende Länge und Homologie zu entsprechenden Sequenzen des  $\epsilon$ -Cyclase-Gens (A bzw. B) für die Ermöglichung der homologen Rekombination aufweisen. Die Länge liegt in der Regel in einem Bereich von mehreren hundert Basen bis zu mehreren Kilobasen (Thomas KR und Capecchi MR (1987) *Cell* 51: 503; Strepp et al. (1998) *Proc Natl Acad Sci USA* 95(8): 4368–4373). Für die homologe Rekombination wird die pflanzliche Zelle mit dem Rekombinationskonstrukt unter Verwendung der unten beschriebenen Verfahren transformiert und erfolgreich rekombinierte Klone basierend auf der infolge inaktivierten  $\epsilon$ -Cyclase selektioniert.

[0187] In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform wird die Effizienz der Rekombination gesteigert durch Kombination mit Verfahren, die die homologe Rekombination fördern. Solche Verfahren sind beschrieben und umfassen beispielhaft die Expression von Proteinen wie RecA oder die Behandlung mit PARP-Inhibitoren. Es konnte gezeigt werden, dass die intrachromosomale homologe Rekombination in Tabakpflanzen durch die Verwendung von PARP-Inhibitoren erhöht werden kann (Puchta H et al. (1995) *Plant J* 7: 203–210). Durch den Einsatz dieser Inhibitoren kann die Rate der homologen Rekombination in den Rekombinationskonstrukten nach Induktion des sequenzspezifischen DNA-Doppelstrangbruchs und damit die Effizienz der Deletion der Transgensequenzen weiter erhöht werden. Verschiedene PARP Inhibitoren können dabei zum Einsatz kommen. Bevorzugt umfasst sind Inhibitoren wie 3-Aminobenzamid, 8-Hydroxy-2-methylquinazolin-4-on (NU1025), 1,11b-Dihydro-[2H]benzopyrano[4,3,2-de]isoquinolin-3-on (GPI 6150), 5-Aminoisoquinolinon, 3,4-Dihydro-5-[4-(1-piperidinyl)butoxy]-1(2H)-isoquinolinon oder die in WO 00/26192, WO 00/29384, WO 00/32579, WO 00/64878, WO 00/68206, WO 00/67734, WO 01/23386 und WO 01/23390 beschriebenen Substanzen.

[0188] Weitere geeignete Methoden sind die Einführung von Nonsense-Mutationen in endogene Markerprotein Gene zum Beispiel mittels Einführung von RNA/DNA-Oligonukleotiden in die Pflanze (Zhu et al. (2000) *Nat Biotechnol* 18(5): 555–558) oder die Generierung von Knockout-Mutanten mit Hilfe von z.B. T-DNA-Mutagenese (Koncz et al., *Plant Mol. Biol.* 1992, 20(5): 963–976). Punktmutationen können auch mittels DNA-RNA Hybriden erzeugt werden, die auch als "chimeraplasty" bekannt sind (Cole-Strauss et al. (1999) *Nucl Acids Res* 27(5): 1323–1330; Kmiec (1999) *Gene therapy American Scientist* 87(3): 240–247).

[0189] Die Methoden der dsRNAi, der Kosuppression mittels sense-RNA und der "VIGS" ("virus induced gene silencing") werden auch als "post-transcriptional gene silencing" (PTGS) oder transcriptional gene silencing" (TGS) bezeichnet. PTGS/TGS-Verfahren sind besonders vorteilhaft, weil die Anforderungen an die Homologie zwischen dem zu vermindernenden Markerprotein-Gen und der transgen exprimierten Sense- oder dsRNA-Nukleinsäuresequenz geringer sind als beispielsweise bei einem klassischen antisense-Ansatz. So kann man unter Verwendung der Markerprotein-Nukleinsäuresequenzen aus einer Art auch die Expression von homologen Markerprotein-Proteinen in anderen Arten effektiv vermindern, ohne, dass die Isolierung und Strukturaufklärung der dort vorkommenden Markerprotein-Homologen zwingend erforderlich wäre. Dies erleichtert erheblich den Arbeitsaufwand.

[0190] In einer besonders bevorzugten Ausführungsform des erfindungsgemäßen Verfahrens erfolgt die Reduzierung der  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp durch:

- a) Einbringen mindestens einer doppelsträngigen  $\epsilon$ -Cyclase Ribonukleinsäuresequenz oder einer deren Expression gewährleistenden Expressionskassette oder Expressionskassetten in Pflanzen und/oder
- b) Einbringen mindestens einer  $\epsilon$ -Cyclase antisense-Ribonukleinsäuresequenzen oder einer deren Expression gewährleistenden Expressionskassette in Pflanzen.

[0191] In einer ganz besonders bevorzugten Ausführungsform erfolgt die Reduzierung der  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp durch Einbringen mindestens einer doppelsträngigen  $\epsilon$ -Cyclase Ribonukleinsäuresequenz oder einer deren Expression gewährleistenden Expressionskassette oder Expressionskassetten in Pflanzen.

[0192] In einer bevorzugten Ausführungsform werden genetisch veränderte Pflanzen verwendet, die in Blüten die geringste Expressionsrate einer  $\epsilon$ -Cyclase aufweisen.

[0193] Dies wird bevorzugt dadurch erreicht, dass die Reduzierung der  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität blütenspezifisch, besonders bevorzugt blütenblattspezifisch erfolgt.

[0194] In der vorstehend beschriebenen, besonders bevorzugten Ausführungsform wird dies dadurch er-



reicht, dass die Transkription der  $\epsilon$ -Cyclase-dsRNA-Sequenzen unter Kontrolle eines blütenspezifischen Promotors oder noch bevorzugter unter Kontrolle eines blütenblattspezifischen Promotors erfolgt.

[0195] Besonders bevorzugt werden im erfindungsgemäßen Verfahren genetisch veränderte Pflanzen mit folgende Kombinationen genetischer Veränderungen verwendet:

Genetisch veränderte Pflanzen, die im Vergleich zum Wildtyp eine erhöhte oder verursachte Ketolase-Aktivität in Blütenblättern und eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität aufweisen,

genetisch veränderte Pflanzen, die im Vergleich zum Wildtyp eine erhöhte oder verursachte Ketolase-Aktivität in Blütenblättern und eine erhöhte  $\beta$ -Cyclase-Aktivität aufweisen,

genetisch veränderte Pflanzen, die im Vergleich zum Wildtyp eine erhöhte oder verursachte Ketolase-Aktivität in Blütenblättern und eine reduzierte  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität aufweisen,

genetisch veränderte Pflanzen, die im Vergleich zum Wildtyp eine erhöhte oder verursachte Ketolase-Aktivität in Blütenblättern und eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität und eine erhöhte  $\beta$ -Cyclase-Aktivität aufweisen,

genetisch veränderte Pflanzen, die im Vergleich zum Wildtyp eine erhöhte oder verursachte Ketolase-Aktivität in Blütenblättern und eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität und eine reduzierte  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität aufweisen,

genetisch veränderte Pflanzen, die im Vergleich zum Wildtyp eine erhöhte oder verursachte Ketolase-Aktivität in Blütenblättern und eine erhöhte  $\beta$ -Cyclase-Aktivität und eine reduzierte  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität aufweisen sowie

genetisch veränderte Pflanzen, die im Vergleich zum Wildtyp eine erhöhte oder verursachte Ketolase-Aktivität in Blütenblättern und eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität und eine erhöhte  $\beta$ -Cyclase-Aktivität und eine reduzierte  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität aufweisen.

[0196] Die Herstellung dieser genetisch veränderten Pflanzen kann, wie nachstehend beschrieben, beispielsweise durch Einbringen einzelner Nukleinsäurekonstrukte (Expressionskassetten) oder durch Einbringen von Mehrfachkonstrukten erfolgen, die bis zu zwei, drei oder vier der beschriebenen Aktivitäten enthalten.

[0197] Im erfindungsgemäßen Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden wird vorzugsweise dem Kultivierungsschritt der genetisch veränderten Pflanzen, im folgenden auch transgene Pflanzen bezeichnet, ein Ernten der Pflanzen und ein Isolieren von Ketocarotinoiden aus den Blütenblättern der Pflanzen angeschlossen.

[0198] Die transgenen Pflanzen werden in an sich bekannter Weise auf Nährböden gezogen und entsprechend geerntet.

[0199] Die Isolierung von Ketocarotinoiden aus den geernteten Blütenblättern erfolgt in an sich bekannter Weise, beispielsweise durch Trocknung und anschließender Extraktion und gegebenenfalls weiterer chemischer oder physikalischer Reinigungsprozesse, wie beispielsweise Fällungsmethoden, Kristallographie, thermische Trennverfahren, wie Rektifizierverfahren oder physikalische Trennverfahren, wie beispielsweise Chromatographie. Die Isolierung von Ketocarotinoiden aus den Blütenblättern erfolgt beispielsweise bevorzugt durch organische Lösungsmittel wie Aceton, Hexan, Ether oder tert.-Methylbutylether.

[0200] Weitere Isolierverfahren von Ketocarotinoiden, insbesondere aus Blütenblättern, sind beispielsweise in Egger und Kleinig (Phytochemistry (1967) 6, 437–440) und Egger (Phytochemistry (1965) 4, 609–618) beschrieben.

[0201] Vorzugsweise sind die Ketocarotinoide ausgewählt aus der Gruppe Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinonon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin und Adonixanthin.

[0202] Ein besonders bevorzugtes Ketocarotinoid ist Astaxanthin.

[0203] Die Ketocarotinoide fallen im erfindungsgemäßen Verfahren in Blütenblättern in Form ihrer Mono- oder Diester mit Fettsäuren an. Einige nachgewiesene Fettsäuren sind z.B. Myristinsäure, Palmitinsäure, Stearinsäure, Ölsäure, Linolensäure, und Laurinsäure (Kamata und Simpson (1987) Comp. Biochem. Physiol. Vol. 86B(3), 587–591).

[0204] Im folgenden wird exemplarisch die Herstellung genetisch veränderter Pflanzen mit erhöhter oder verursachter Ketolase-Aktivität in Blütenblättern beschrieben. Die Erhöhung weiterer Aktivitäten, wie beispielsweise der Hydroxylase-Aktivität und/oder der  $\beta$ -Cyclase-Aktivität kann analog unter Verwendung von Nukleinsäuresequenzen kodierend eine Hydroxylase bzw.  $\beta$ -Cyclase anstelle von Nukleinsäuresequenzen kodierend eine Ketolase erfolgen. Die Reduzierung weiterer Aktivitäten, wie beispielsweise die Reduzierung der  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität kann analog unter Verwendung von anti- $\epsilon$ -Cyclase-Nukleinsäuresequenzen oder  $\epsilon$ -Cyclase-Inverted-Repaet-Nukleinsäuresequenz anstelle von Nukleinsäuresequenzen kodierend eine Ketolase erfolgen. Die Transformation kann bei den Kombinationen von genetischen Veränderungen einzeln oder durch Mehrfachkonstrukte erfolgen.

[0205] Die Herstellung der transgenen Pflanzen erfolgt vorzugsweise durch Transformation der Ausgangspflanzen, mit einem Nukleinsäurekonstrukt, das die vorstehend beschriebenen Nukleinsäuren codierend eine Ketolase enthält, die mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription und Translation in Pflanzen gewährleisten.

[0206] Diese Nukleinsäurekonstrukte, in denen die kodierende Nukleinsäuresequenz mit einem oder mehreren Regulationssignalen funktionell verknüpft sind, die die Transkription und Translation in Pflanzen gewährleisten, werden im folgenden auch Expressionskassetten genannt.

- [0207] Vorzugsweise enthalten die Regulationssignale einen oder mehrere Promotoren, die die Transkription und Translation in Pflanzen gewährleisten.
- [0208] Die Expressionskassetten beinhalten Regulationssignale, also regulative Nukleinsäuresequenzen, welche die Expression der kodierenden Sequenz in der Wirtszelle steuern. Gemäß einer bevorzugten Ausführungsform umfasst eine Expressionskassette stromaufwärts, d.h. am 5'-Ende der kodierenden Sequenz, einen Promotor und stromabwärts, d.h. am 3'-Ende, ein Polyadenylierungssignal und gegebenenfalls weitere regulatorische Elemente, welche mit der dazwischenliegenden kodierenden Sequenz für mindestens eines der vorstehend beschriebenen Gene operativ verknüpft sind. Unter einer operativen Verknüpfung versteht man die sequenzielle Anordnung von Promotor, kodierender Sequenz, Terminator und ggf. weiterer regulativer Elemente derart, das jedes der regulativen Elemente seine Funktion bei der Expression der kodierenden Sequenz bestimmungsgemäß erfüllen kann.
- [0209] Im folgenden werden beispielhaft die bevorzugten Nukleinsäurekonstrukte, Expressionskassetten und Vektoren für Pflanzen und Verfahren zur Herstellung von transgenen Pflanzen, sowie die transgenen Pflanzen selbst beschrieben.
- [0210] Die zur operativen Verknüpfung bevorzugten aber nicht darauf beschränkten Sequenzen sind Targeting-Sequenzen zur Gewährleistung der subzellulären Lokalisation im Apoplasten, in der Vakuole, in Plastiden, im Mitochondrium, im Endoplasmatischen Retikulum (ER), im Zellkern, in Ölkörperchen oder anderen Kompartimenten und Translationsverstärker wie die 5'-Führungssequenz aus dem Tabak-Mosaik-Virus (Gallie et al., Nucl. Acids Res. 15 (1987), 8693–8711).
- [0211] Als Promotoren der Expressionskassette ist grundsätzlich jeder Promotor geeignet, der die Expression von Fremdgenen in Pflanzen steuern kann.
- [0212] "Konstitutiver" Promotor meint solche Promotoren, die eine Expression in zahlreichen, bevorzugt allen, Geweben über einen größeren Zeitraum der Pflanzenentwicklung, bevorzugt zu allen Zeitpunkten der Pflanzenentwicklung, gewährleisten.
- [0213] Vorzugsweise verwendet man insbesondere einen pflanzlichen Promotor oder einen Promotor, der einem Pflanzenvirus entstammt. Insbesondere bevorzugt ist der Promotor des 35S-Transkriptes des CaMV Blumenkohlmosaikvirus (Franck et al. (1980) Cell 21: 285–294; Odell et al. (1985) Nature 313: 810–812; Shewmaker et al. (1985) Virology 140: 281–288; Gardner et al. (1986) Plant Mol Biol 6:221–228) oder der 19S CaMV Promotor (US 5,352,605; WO 84/02913; Benfey et al. (1989) EMBO J 8: 2195–2202).
- [0214] Ein weiterer geeigneter konstitutiver Promotor ist der pds Promoter (Pecker et al. (1992) Proc. Natl. Acad. Sci USA 89: 4962–4966) oder der "Rubisco small subunit (SSU)"-Promotor (US 4,962,028), der LeguminB-Promotor (GenBank Acc.-Nr. X03677), der Promotor der Nopalinsynthase aus *Rhizobium*, der TR-Doppelpromotor, der OCS (Octopin Synthase) Promotor aus *Agrobacterium*, der Ubiquitin Promotor (Holtorf S et al. (1995) Plant Mol Biol 29: 637–649), den Ubiquitin 1 Promotor (Christensen et al. (1992) Plant Mol Biol 18: 675–689; Bruce et al. (1989) Proc Natl Acad Sci USA 86:9692-9696), den Smas Promotor, den Cinnamylalkoholdehydrogenase-Promotor (US 5,683,439), die Promotoren der vakuolären ATPase Untereinheiten oder der Promotor eines prolinreichen Proteins aus Weizen (WO 91/13991), der Pnit-Promoter (Y07648.L, Hillebrand et al. (1998), Plant. Mol. Biol. 36, 89–99, Hillebrand et al. (1996), Gene, 170, 197–200) sowie weitere Promotoren von Genen, deren konstitutive Expression in Pflanzen dem Fachmann bekannt ist.
- [0215] Die Expressionskassetten können auch einen chemisch induzierbaren Promotor enthalten (Übersichtsartikel: Gatz et al. (1997) Annu Rev Plant Physiol Plant Mol Biol 48:89–108), durch den die Expression des Ketolase-Gens in der Pflanze zu einem bestimmten Zeitpunkt gesteuert werden kann. Derartige Promotoren, wie z.B. der PRP1 Promotor (Ward et al. (1993) Plant Mol Biol 22: 361–366), durch Salicylsäure induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein durch Benzolsulfonamid-induzierbarer Promotor (EP 0 388 186), ein durch Tetrazyklin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J 2:397–404), ein durch Abscisinsäure induzierbarer Promotor (EP 0 335 528) bzw. ein durch Ethanol- oder Cyclohexanon-induzierbarer Promotor (WO 93/21334) können ebenfalls verwendet werden.
- [0216] Ferner sind Promotoren bevorzugt, die durch biotischen oder abiotischen Stress induziert werden wie beispielsweise der pathogeninduzierbare Promotor des PRP1-Gens (Ward et al. (1993) Plant Mol Biol 22: 361–366), der hitzeinduzierbare hsp70- oder hsp80-Promoter aus Tomate (US 5,187,267), der kälteinduzierbare alpha-Amylase Promoter aus der Kartoffel (WO 96/12814), der licht-induzierbare PPK Promotor oder der verwundungsinduzierte pinII-Promoter (EP 375091).
- [0217] Pathogen-induzierbare Promotoren umfassen die von Genen, die infolge eines Pathogenbefalls induziert werden wie beispielsweise Gene von PR-Proteinen, SAR-Proteinen, b-1,3-Glucanase, Chitinase usw. (beispielsweise Redolfi et al. (1983) Neth J Plant Pathol 89:245-254; Uknes, et al. (1992) The Plant Cell 4:645-656; Van Loon (1985) Plant Mol Biol 4: 111–116; Marineau et al. (1987) Plant Mol Biol 9: 335–342; Matton et al. (1987) Molecular Plant-Microbe Interactions 2: 325–342; Somssich et al. (1986) Proc Natl Acad Sci USA 83: 2427–2430; Somssich et al. (1988) Mol Gen Genetics 2: 93–98; Chen et al. (1996) Plant J 10: 955–966; Zhang and Sing (1994) Proc Natl Acad Sci USA 91: 2507–2511; Warner, et al. (1993) Plant J 3: 191–201; Siebertz et al. (1989) Plant Cell 1: 961–968 (1989).

[0218] Umfasst sind auch verwundungs-induzierbare Promotoren wie der des *pin1* Gens (Ryan (1990) *Ann Rev Phytopath* 28: 425–449; Duan et al. (1996) *Nat Biotech* 14: 494–498), des *wun1* und *wun2*-Gens (US 5,428,148), des *win1*- und *win2*-Gens (Stanford et al. (1989) *Mol Gen Genet* 215: 200–208), des Systemin (McGurl et al. (1992) *Science* 225: 1570–1573), des *WIP1*-Gens (Rohmeier et al. (1993) *Plant Mol Biol* 22: 783–792; Eckelkamp et al. (1993) *FEBS Letters* 323: 73–76), des *MPI*-Gens (Corderok et al. (1994) *The Plant J* 6(2): 141–150) und dergleichen.

[0219] Weitere geeignete Promotoren sind beispielsweise fruchtreifungsspezifische Promotoren, wie beispielsweise der fruchtreifungsspezifische Promotor aus Tomate (WO 94/21794, EP 409 625). Entwicklungsabhängige Promotoren schließt zum Teil die gewebespezifischen Promotoren ein, da die Ausbildung einzelner Gewebe naturgemäß entwicklungsabhängig erfolgt.

[0220] Weiterhin sind insbesondere solche Promotoren bevorzugt, die die Expression in Geweben oder Pflanzenteilen sicherstellen, in denen beispielsweise die Biosynthese von Ketocarotinoiden bzw. dessen Vorstufen stattfindet. Bevorzugt sind beispielsweise Promotoren mit Spezifitäten für die Antheren, Ovarien, Petalen, Sepalen, Blüten, Blätter, Stengel und Wurzeln und Kombinationen hieraus.

[0221] Knollen-, Speicherwurzel- oder Wurzel-spezifische Promotoren sind beispielsweise der Patatin Promotor Klasse I (B33) oder der Promotor des Cathepsin D Inhibitors aus Kartoffel.

[0222] Blattspezifische Promotoren sind beispielsweise der Promotor der cytosolischen FBPase aus Kartoffel (WO 97/05900), der SSU Promotor (small subunit) der Rubisco (Ribulose-1,5-bisphosphatcarboxylase) oder der ST-LSI Promotor aus Kartoffel (Stockhaus et al. (1989) *EMBO J* 8: 2445–2451).

[0223] Blütenspezifische Promotoren sind beispielsweise der Phytoen Synthase Promotor (WO 92/16635) oder der Promotor des *P-rr* Gens (WO 98/22593) oder der *AP3* Promoter aus *Arabidopsis thaliana* (siehe Beispiel 1).

[0224] Antheren-spezifische Promotoren sind beispielsweise der 5126-Promotor (US 5,689,049, US 5,689,051), den *glob-1* Promotor oder der *g-Zein* Promotor.

[0225] Weitere zur Expression in Pflanzen geeignete Promotoren sind beschrieben in Rogers et al. (1987) *Meth in Enzymol* 153: 253–277; Schardl et al. (1987) *Gene* 61: 1–11 und Berger et al. (1989) *Proc Natl Acad Sci USA* 86: 8402–8406).

[0226] Alle in der vorliegenden Anmeldung beschriebenen Promotoren ermöglichen in der Regel die Expression der Ketolase in Blütenblättern der erfindungsgemäßen Pflanzen.

[0227] Besonders bevorzugt im erfindungsgemäßen Verfahren sind konstitutive, blütenspezifische und insbesondere blütenblattspezifische Promotoren.

[0228] Die vorliegende Erfindung betrifft daher insbesondere ein Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend funktionell verknüpft einen blütenspezifischen oder insbesondere einen blütenblattspezifischen Promotor und eine Nukleinsäure codierend eine Ketolase.

[0229] Die Herstellung einer Expressionskassette erfolgt vorzugsweise durch Fusion eines geeigneten Promotors mit einer vorstehend beschriebenen Nukleinsäure codierend eine Ketolase und vorzugsweise einer zwischen Promotor und Nukleinsäure-Sequenz inserierten Nukleinsäure, die für ein plastidenspezifisches Transitpeptid kodiert, sowie einem Polyadenylierungssignal nach gängigen Rekombinations- und Klonierungstechniken, wie sie beispielsweise in T. Maniatis, E.F. Fritsch und J. Sambrook, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1989) sowie in T.J. Silhavy, M.L. Berman und L.W. Enquist, *Experiments with Gene Fusions*, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY (1984) und in Ausubel, F.M. et al., *Current Protocols in Molecular Biology*, Greene Publishing Assoc. and Wiley-Interscience (1987) beschrieben sind.

[0230] Die vorzugsweise insertierte Nukleinsäuren codierend ein plastidäres Transitpeptid, gewährleisten die Lokalisation in Plastiden und insbesondere in Chromoplasten.

[0231] Es können auch Expressionskassetten verwendet werden, deren Nukleinsäure-Sequenz für ein Ketolase-Fusionsprotein kodiert, wobei ein Teil des Fusionsproteins ein Transitpeptid ist, das die Translokation des Polypeptides steuert. Bevorzugt sind für die Chromoplasten spezifische Transitpeptide, welche nach Translokation der Ketolase in die Chromoplasten vom Ketolase-Teil enzymatisch abgespalten werden.

[0232] Insbesondere bevorzugt ist das Transitpeptid, das von der plastidären *Nicotiana tabacum* Transketolase oder einem anderen Transitpeptid (z.B. dem Transitpeptid der kleinen Untereinheit der Rubisco (*rbcS*) oder der Ferredoxin NADP Oxidoreduktase als auch der Isopentenylpyrophosphat Isomerase-2) oder dessen funktionellem Äquivalent abgeleitet ist.

[0233] Besonders bevorzugt sind Nukleinsäure-Sequenzen von drei Kassetten des Plastiden-Transitpeptids der plastidären Transketolase aus Tabak in drei Leserastern als *KpnI*/*BamHI* Fragmente mit einem ATG-Codon in der *NcoI* Schnittstelle:

## pTP09

KpnI\_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTTCTCTCACTCTCTCTCAAGCTATCCTCTCTCGTTCTGTC  
 CCTCGCCATGGCTCTGCCTCTTCTTCTCAACTTTCCCCTTCTTCTCTCACTTTTTCGGCCTTAA  
 ATCCAATCCCAATATCACCACCTCCCGCCGCGTACTCCTTCCTCCGCCGCCGCCGCCGCCGTCG  
 TAAGGTCACCGGCGATTTCGTGCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAAGTGAAGTGCAGGA  
 TCC\_BamHI

## pTP10

KpnI\_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTTCTCTCACTCTCTCTCAAGCTATCCTCTCTCGTTCTGTC  
 CCTCGCCATGGCTCTGCCTCTTCTTCTCAACTTTCCCCTTCTTCTCTCACTTTTTCGGCCTTAA  
 ATCCAATCCCAATATCACCACCTCCCGCCGCGTACTCCTTCCTCCGCCGCCGCCGCCGCCGTCG  
 TAAGGTCACCGGCGATTTCGTGCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAAGTGAAGTGCAGTCG  
 GATCC\_BamHI

## pTP11

KpnI\_GGTACCATGGCGTCTTCTTCTTCTCTCACTCTCTCTCAAGCTATCCTCTCTCGTTCTGTC  
 CCTCGCCATGGCTCTGCCTCTTCTTCTCAACTTTCCCCTTCTTCTCTCACTTTTTCGGCCTTAA  
 ATCCAATCCCAATATCACCACCTCCCGCCGCGTACTCCTTCCTCCGCCGCCGCCGCCGCCGTCG  
 TAAGGTCACCGGCGATTTCGTGCCTCAGCTGCAACCGAAACCATAGAGAAAAGTGAAGTGCAGGGG  
 ATCC\_BamHI

Weitere Beispiele für ein plastidäres Transitpeptid sind das Transitpeptid der plastidären Isopentenyl-pyrophosphat Isomerase-2 (IPP-2) aus *Arabidopsis thaliana* und das Transitpeptid der kleinen Untereinheit der Ribulosebiphosphat Carboxylase (rbcS) aus Erbsen (Guerineau, F, Woolston, S, Brooks, L, Mullineaux, P (1988) An expression cassette for targeting foreign proteins into the chloroplasts. Nucl. Acids Res. 16: 11380).

[0234] Die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren können synthetisch hergestellt oder natürlich gewonnen sein oder eine Mischung aus synthetischen und natürlichen Nukleinsäure-Bestandteilen enthalten, sowie aus verschiedenen heterologen Genabschnitten verschiedener Organismen bestehen.

[0235] Bevorzugt sind, wie vorstehend beschrieben, synthetische Nukleotid-Sequenzen mit Kodons, die von Pflanzen bevorzugt werden. Diese von Pflanzen bevorzugten Kodons können aus Kodons mit der höchsten Proteinhäufigkeit bestimmt werden, die in den meisten interessanten Pflanzenspezies exprimiert werden.

[0236] Bei der Präparation einer Expressionskassette können verschiedene DNA-Fragmente manipuliert werden, um eine Nukleotid-Sequenz zu erhalten, die zweckmäßigerweise in der korrekten Richtung liest und die mit einem korrekten Leseraster ausgestattet ist. Für die Verbindung der DNA-Fragmente miteinander können an die Fragmente Adaptoren oder Linker angesetzt werden.

[0237] Zweckmäßigerweise können die Promotor- und die Terminator-Regionen in Transkriptionsrichtung mit einem Linker oder Polylinker, der eine oder mehrere Restriktionsstellen für die Insertion dieser Sequenz enthält, versehen werden. In der Regel hat der Linker 1 bis 10, meistens 1 bis 8, vorzugsweise 2 bis 6 Restriktionsstellen. Im allgemeinen hat der Linker innerhalb der regulatorischen Bereiche eine Größe von weniger als 100 bp, häufig weniger als 60 bp, mindestens jedoch 5 bp. Der Promotor kann sowohl nativ bzw. homolog als auch fremdartig bzw. heterolog zur Wirtspflanze sein. Die Expressionskassette beinhaltet vorzugsweise in der 5'-3'-Transkriptionsrichtung den Promotor, eine kodierende Nukleinsäuresequenz oder ein Nukleinsäurekonstrukt und eine Region für die transkriptionale Termination. Verschiedene Terminationsbereiche sind gegeneinander beliebig austauschbar.

[0238] Beispiele für einen Terminator sind der 35S-Terminator (Guerineau et al. (1988) Nucl Acids Res. 16: 11380), der nos Terminator (Depicker A, Stachel S, Dhaese P, Zambryski P, Goodman HM. Nopaline synthase: transcript mapping and DNA sequence. J Mol Appl Genet. 1982; 1(6): 561-73) oder der ocs Terminator (Gielen, J, de Beuckeleer, M, Seurinck, J, Debroek, H, de Greve, H, Lemmers, M, van Montagu, M, Schell, J (1984) The

- complete sequence of the TL-DNA of the *Agrobacterium tumefaciens* plasmid pTiAch5. EMBO J. 3: 835–846).
- [0239] Ferner können Manipulationen, die passende Restriktionsschnittstellen bereitstellen oder die überflüssige DNA oder Restriktionsschnittstellen entfernen, eingesetzt werden. Wo Insertionen, Deletionen oder Substitutionen wie z.B. Transitionen und Transversionen in Frage kommen, können in vitro-Mutagenese, "primer-repair", Restriktion oder Ligation verwendet werden.
- [0240] Bei geeigneten Manipulationen, wie z.B. Restriktion, "chewingback" oder Auffüllen von Überhängen für "bluntends", können komplementäre Enden der Fragmente für die Ligation zur Verfügung gestellt werden.
- [0241] Bevorzugte Polyadenylierungssignale sind pflanzliche Polyadenylierungssignale, vorzugsweise solche, die im wesentlichen T-DNA-Polyadenylierungssignale aus *Agrobacterium tumefaciens*, insbesondere des Gens 3 der T-DNA (Octopin Synthase) des Ti-Plasmids pTiACHS entsprechen (Gielen et al., EMBO J. 3 (1984), 835 ff) oder funktionelle Äquivalente.
- [0242] Die Übertragung von Fremdgenen in das Genom einer Pflanze wird als Transformation bezeichnet.
- [0243] Dazu können an sich bekannte Methoden zur Transformation und Regeneration von Pflanzen aus Pflanzengewebe oder Pflanzenzellen zur transienten oder stabilen Transformation genutzt werden.
- [0244] Geeignete Methoden zur Transformation von Pflanzen sind die Protoplastentransformation durch Polyethylenglykol-induzierte DNA-Aufnahme, das biolistische Verfahren mit der Genkanone – die sogenannte particle bombardment Methode, die Elektroporation, die Inkubation trockener Embryonen in DNA-haltiger Lösung, die Mikroinjektion und der, vorstehend beschriebene, durch *Agrobacterium* vermittelte Gentransfer. Die genannten Verfahren sind beispielsweise in B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, herausgegeben von S.D. Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128–143 sowie in Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205–225 beschrieben.
- [0245] Vorzugsweise wird das zu exprimierende Konstrukt in einen Vektor kloniert, der geeignet ist, *Agrobacterium tumefaciens* zu transformieren, beispielsweise pBin19 (Bevan et al., Nucl. Acids Res. 12 (1984), 8711) oder besonders bevorzugt pSUN2, pSUN3, pSUN4 oder pSUN5 (WO 02/00900).
- [0246] Mit einem Expressionsplasmid transformierte *Agrobakterien* können in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen verwendet werden, z.B. indem verwundete Blätter oder Blattstücke in einer *Agrobakterien*-Lösung gebadet und anschließend in geeigneten Medien kultiviert werden.
- [0247] Zur bevorzugten Herstellung von genetisch veränderten Pflanzen, im folgenden auch transgene Pflanzen bezeichnet, wird die fusionierte Expressionskassette, die eine Ketolase exprimiert, in einen Vektor, beispielsweise pBin19 oder insbesondere pSUN2 kloniert, der geeignet ist, in *Agrobacterium tumefaciens* transformiert zu werden. Mit einem solchen Vektor transformierte *Agrobakterien* können dann in bekannter Weise zur Transformation von Pflanzen, insbesondere von Kulturpflanzen verwendet werden, indem beispielsweise verwundete Blätter oder Blattstücke in einer *Agrobakterien*-Lösung gebadet und anschließend in geeigneten Medien kultiviert werden.
- [0248] Die Transformation von Pflanzen durch *Agrobakterien* ist unter anderem bekannt aus F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, herausgegeben von S.D. Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15–38. Aus den transformierten Zellen der verwundeten Blätter bzw. Blattstücke können in bekannter Weise transgene Pflanzen regeneriert werden, die ein in die Expressionskassette integriertes Gen für die Expression einer Nukleinsäure codierend eine Ketolase enthalten.
- [0249] Zur Transformation einer Wirtspflanze mit einer für eine Ketolase kodierenden Nukleinsäure wird eine Expressionskassette als Insertion in einen rekombinanten Vektor eingebaut, dessen Vektor-DNA zusätzliche funktionelle Regulationssignale, beispielsweise Sequenzen für Replikation oder Integration enthält. Geeignete Vektoren sind unter anderem in "Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology" (CRC Press), Kap. 6/7, S. 71–119 (1993) beschrieben.
- [0250] Unter Verwendung der oben zitierten Rekombinations- und Klonierungstechniken können die Expressionskassetten in geeignete Vektoren kloniert werden, die ihre Vermehrung, beispielsweise in *E. coli*, ermöglichen. Geeignete Klonierungsvektoren sind u.a. pJIT117 (Guerineau et al. (1988) Nucl. Acids Res. 16: 11380), pBR332, pUC-Serien, M13mp-Serien und pACYC184. Besonders geeignet sind binäre Vektoren, die sowohl in *E. coli* als auch in *Agrobakterien* replizieren können.
- [0251] Dabei kann je nach Wahl des Promotors die Expression konstitutiv oder vorzugsweise spezifisch in den Blütenblättern erfolgen.
- [0252] Dementsprechend betrifft die Erfindung ferner ein Verfahren zur Herstellung von genetisch veränderten Pflanzen, dadurch gekennzeichnet, dass man ein Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend funktionell verknüpft einen blütenspezifischen Promotor und Nukleinsäuren codierend eine Ketolase in das Genom der Ausgangspflanze einführt.
- [0253] Die Erfindung betrifft ferner die genetisch veränderten Pflanzen, wobei die genetische Veränderung die Aktivität einer Ketolase in Blütenblättern,
- A für den Fall, dass die Wildtyppflanze bereits eine Ketolase-Aktivität in Blütenblättern aufweist, gegenüber dem Wildtyp erhöht und

B für den Fall, das die Wildtyppflanze keine Ketolase-Aktivität in Blütenblättern aufweist, gegenüber dem Wildtyp verursacht.

[0254] Wie vorstehend ausgeführt erfolgt die Erhöhung oder Verursachung der Ketolase-Aktivität gegenüber dem Wildtyp vorzugsweise durch eine Erhöhung oder Verursachung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Ketolase.

[0255] In einer weiter bevorzugten Ausführungsform erfolgt, wie vorstehend ausgeführt, die Erhöhung oder Verursachung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Ketolase durch Einbringen von Nukleinsäuren codierend eine Ketolase in die Pflanzen und damit vorzugsweise durch Überexpression oder transgene Expression von Nukleinsäuren codierend eine Ketolase.

[0256] Bevorzugte transgene Pflanzen, die als Wildtyp keine Ketolaseaktivität in den Blütenblättern aufweisen, enthalten, wie vorstehend erwähnt, mindestens ein transgene Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase.

[0257] Besonders bevorzugte, genetisch veränderte Pflanzen weisen, wie vorstehend erwähnt, zusätzlich eine erhöhte Hydroxylase-Aktivität und/oder  $\beta$ -Cyclase-Aktivität gegenüber einer Wildtyppflanze auf. Weiter bevorzugte Ausführungsformen sind vorstehend im erfindungsgemäßen Verfahren beschrieben.

[0258] Weiter bevorzugte, genetisch veränderte Pflanzen weisen, wie vorstehend erwähnt, zusätzlich eine reduzierte  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität gegenüber einer Wildtyppflanze auf. Weiter bevorzugte Ausführungsformen sind vorstehend im erfindungsgemäßen Verfahren beschrieben.

[0259] Unter Pflanzen werden erfindungsgemäß vorzugsweise Pflanzen verstanden, die als Wildtyp in Blütenblättern Chromoplasten aufweisen. Weiter bevorzugte Pflanzen weisen als Wildtyp in den Blütenblättern zusätzlich Carotinoide, insbesondere  $\beta$ -Carotin, Zeaxanthin, Violaxanthin oder Lutein auf. Weiter bevorzugte Pflanzen weisen als Wildtyp in den Blütenblättern zusätzlich eine  $\beta$ -Cyclase-Aktivität auf. Weiter bevorzugte Pflanzen weisen als Wildtyp in den Blütenblättern zusätzlich eine Hydroxylase-Aktivität auf.

[0260] Besonders bevorzugte Pflanzen sind Pflanzen ausgewählt aus den Familien Ranunculaceae, Berberidaceae, Papaveraceae, Cannabaceae, Rosaceae, Fabaceae, Linaceae, Vitaceae, Brassicaceae, Cucurbitaceae, Primulaceae, Caryophyllaceae, Amaranthaceae, Gentianaceae, Geraniaceae, Caprifoliaceae, Oleaceae, Tropaeolaceae, Solanaceae, Scrophulariaceae, Asteraceae, Liliaceae, Amaryllidaceae, Poaceae, Orchidaceae, Malvaceae, Iliaceae oder Lamiaceae.

[0261] Die Erfindung betrifft daher insbesondere genetisch veränderte Pflanzen ausgewählt aus den Familien Ranunculaceae, Berberidaceae, Papaveraceae, Cannabaceae, Rosaceae, Fabaceae, Linaceae, Vitaceae, Brassicaceae, Cucurbitaceae, Primulaceae, Caryophyllaceae, Amaranthaceae, Gentianaceae, Geraniaceae, Caprifoliaceae, Oleaceae, Tropaeolaceae, Solanaceae, Scrophulariaceae, Asteraceae, Liliaceae, Amaryllidaceae, Poaceae, Orchidaceae, Malvaceae, Iliaceae, oder Lamiaceae enthaltend mindestens eine transgene Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase.

[0262] Ganz besonders bevorzugte genetisch veränderte Pflanzen sind ausgewählt aus den Pflanzengattungen Marigold, Tapetes erecta, Tapetes patula, Adonis, Lycopersicon, Rosa, Calendula, Physalis, Medicago, Helianthus, Chrysanthemum, Aster, Tulipa, Narcissus, Petunia, Geranium oder Tropaeolum, wobei die genetisch veränderte Pflanze mindestens eine transgene Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, enthält.

[0263] Wie vorstehend erwähnt wird in bevorzugten transgenen Pflanzen die Ketolase in Blütenblättern exprimiert, besonderes bevorzugt ist die Expression der Ketolase in Blütenblättern am höchsten.

[0264] Die transgenen Pflanzen, deren Vermehrungsgut, sowie deren Pflanzenzellen, -gewebe oder -teile, insbesondere deren Blütenblätter sind ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

[0265] Die genetisch veränderten Pflanzen können, wie vorstehend beschrieben, zur Herstellung von Ketocarotinoiden, insbesondere Astaxanthin verwendet werden.

[0266] Von Menschen und Tieren verzehrbare erfindungsgemäße, genetisch veränderte Pflanzen mit erhöhtem Gehalt an Ketocarotinoiden können auch beispielsweise direkt oder nach an sich bekannter Prozessierung als Nahrungsmittel oder Futtermittel oder als Futter- und Nahrungsergänzungsmittel verwendet werden. Ferner können die genetisch veränderten Pflanzen zur Herstellung von Ketocarotinoid-haltigen Extrakten der Pflanzen und/oder zur Herstellung von Futter- und Nahrungsergänzungsmitteln verwendet werden.

[0267] Die genetisch veränderten Pflanzen können auch als Zierpflanzen im Horticulture-Bereich verwendet werden.

[0268] Die genetisch veränderten Pflanzen weisen im Vergleich zum Wildtyp einen erhöhten Gehalt an Ketocarotinoiden auf.

[0269] Unter einem erhöhten Gehalt an Ketocarotinoiden wird in der Regel ein erhöhter Gehalt an Gesamt-Ketocarotinoid verstanden.

[0270] Unter einem erhöhten Gehalt an Ketocarotinoiden wird aber auch insbesondere ein veränderter Gehalt der bevorzugten Ketocarotinoide verstanden, ohne dass zwangsläufig der Gesamt-Carotinoidgehalt erhöht sein muss.

[0271] In einer besonders bevorzugten Ausführungsform weisen die erfindungsgemäßen, genetisch veränderten Pflanzen im Vergleich zum Wildtyp einen erhöhten Gehalt an Astaxanthin auf.

[0272] Unter einem erhöhten Gehalt wird in diesem Fall auch ein verursachter Gehalt an Ketocarotinoiden,



bzw. Astaxanthin verstanden.

[0273] Die Erfindung wird durch die nun folgenden Beispiele erläutert, ist aber nicht auf diese beschränkt:

Allgemeine Experimentelle Bedingungen:

Sequenzanalyse rekombinanter DNA

[0274] Die Sequenzierung rekombinanter DNA-Moleküle erfolgte mit einem Laserfluoreszenz-DNA-Sequenzierer der Firma Licor (Vertrieb durch MWG Biotech, Ebersbach) nach der Methode von Sanger (Sanger et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74 (1977), 5463–5467).

#### Beispiel 1:

Amplifikation einer cDNA, die die gesamte Primärsequenz der Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* Flotow em. Wille codiert

[0275] Die cDNA, die für die Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* codiert, wurde mittels PCR aus *Haematococcus pluvialis* (Stamm 192.80 der "Sammlung von Algenkulturen der Universität Göttingen") Suspensionskultur amplifiziert.

[0276] Für die Präparation von Total-RNA aus einer Suspensionskultur von *Haematococcus pluvialis* (Stamm 192.80), die 2 Wochen mit indirektem Tageslicht bei Raumtemperatur in *Haematococcus* Medium (1.2 g/l Natriumacetat, 2 g/l Hefeextrakt, 0.2 g/l  $\text{MgCl}_2 \times 6\text{H}_2\text{O}$ , 0.02  $\text{CaCl}_2 \times 2\text{H}_2\text{O}$ ; pH 6.8; nach Autoklavieren Zugabe von 400 mg/l L-Asparagin, 10 mg/l  $\text{FeSO}_4 \times \text{H}_2\text{O}$ ) gewachsen war, wurden die Zellen geerntet, in flüssigem Stickstoff eingefroren und im Mörser pulverisiert. Anschließend wurden 100 mg der gefrorenen, pulverisierten Algenzellen in ein Reaktionsgefäß überführt und in 0.8 ml Trizol-Puffer (Life Technologies) aufgenommen. Die Suspension wurde mit 0.2 ml Chloroform extrahiert. Nach 15 minütiger Zentrifugation bei 12 000 g wurde der wässrige Überstand abgenommen und in ein neues Reaktionsgefäß überführt und mit einem Volumen Ethanol extrahiert. Die RNA wurde mit einem Volumen Isopropanol gefällt, mit 75% Ethanol gewaschen und das Pellet in DEPC Wasser (über Nacht Inkubation von Wasser mit 1/1000 Volumen Diethylpyrocarbonat bei Raumtemperatur, anschließend autoklaviert) gelöst. Die RNA-Konzentration wurde photometrisch bestimmt.

[0277] Für die cDNA-Synthese wurden 2.5 µg Gesamt-RNA für 10 min bei 60°C denaturiert, für 2 min auf Eis abgekühlt und mittels eines cDNA-Kits (Ready-to-go-you-prime-beads, Pharmacia Biotech) nach Herstellerangaben unter Verwendung eines antisense spezifischen Primers (PR1 SEQ ID NO: 29) in cDNA umgeschrieben.

[0278] Die Nukleinsäure codierend eine Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* (Stamm 192.80) wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Haematococcus pluvialis* unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (PR2 SEQ ID NO: 30) und eines antisense spezifischen Primers (PR1 SEQ ID NO: 29) amplifiziert.

[0279] Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der cDNA, die für ein Ketolase Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz codiert, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 4 µl einer *Haematococcus pluvialis* cDNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM PR1 (SEQ ID NO: 29)
- 0.2 mM PR2 (SEQ ID NO: 30)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 25.8 µl Aq. Dest.

[0280] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X	94°C	2 Minuten
35X	94°C	1 Minute
	53°C	2 Minuten
	72°C	3 Minuten
1X	72°C	10 Minuten

[0281] Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID NO: 29 und SEQ ID NO: 30 resultierte in einem 1155 Bp-Fragment, das für ein Protein bestehend aus der gesamten Primärsequenz codiert (SEQ ID NO: 22). Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pGEM-Teasy (Promega) kloniert und der Klon pGKETO2 erhalten.

[0282] Sequenzierung des Klons pGKETO2 mit dem T7- und dem SP6-Primer bestätigte eine Sequenz, die

sich lediglich in den drei Codons 73, 114 und 119 in je einer Base von der publizierten Sequenz X86782 unterscheidet. Diese Nukleotidaustausche wurden in einem unabhängigen Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentieren somit die Nukleotidsequenz im verwendeten *Haematococcus pluvialis* Stamm 192.80 (Abb. 3 und 4, Sequenzvergleiche).

[0283] Dieser Klon wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJIT117 (Guerineau et al. 1988, Nucl. Acids Res. 16: 11380) verwendet. Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 1027 Bp SpHI-Fragmentes aus pGEM-Teasy und Ligierung in den SpHI geschnittenen Vektor pJIT117. Der Klon, der die *Haematococcus pluvialis* Ketolase in der korrekten Orientierung als N-terminale translationale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heißt pJKET02.

#### Beispiel 2:

Amplifikation einer cDNA, die die Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* Flotow em. Wille mit einem um 14 Aminosäuren verkürztem N-terminus codiert

[0284] Die cDNA, die für die Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* (Stamm 192.80) mit einem um 14 Aminosäuren verkürztem N-Terminus codiert, wurde mittels PCR aus *Haematococcus pluvialis* Suspensionskultur (Stamm 192.80 der "Sammlung von Algenkulturen der Universität Göttingen") amplifiziert.

[0285] Die Präparation von Total-RNA aus einer Suspensionskultur von *Haematococcus pluvialis* (Stamm 192.80) erfolgte wie in Beispiel 1 beschrieben.

[0286] Die cDNA-Synthese erfolgte wie unter Beispiel 1 beschrieben.

[0287] Die Nukleinsäure kodierend eine Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* (Stamm 192.80) mit einem um 14 Aminosäuren verkürztem N-Terminus wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Haematococcus pluvialis* unter Verwendung eines Sense spezifischen Primers (PR3 SEQ ID NO: 31) und eines antisense spezifischen Primers (PR1 SEQ ID NO: 29) amplifiziert.

[0288] Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der cDNA, die für ein Ketolase Protein mit um 14 Aminosäuren verkürztem N-Terminus codiert, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 4 µl einer *Haematococcus pluvialis* cDNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM PR1 (SEQ ID NO: 29)
- 0.2 mM PR3 (SEQ ID NO: 31)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 25.8 µl Aq. Dest.

[0289] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X	94°C	2 Minuten
35X	94°C	1 Minute
	53°C	2 Minuten
	72°C	3 Minuten
1X	72°C	10 Minuten

Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID NO: 29 und SEQ ID NO: 31 resultierte in einem 1111 Bp Fragment, das für ein Ketolase Protein codiert, bei dem N-terminalen Aminosäuren (Position 2-16) durch eine einzige Aminosäure (Leucin) ersetzt sind.

[0290] Das Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pGEM-Teasy (Promega) kloniert. Sequenzierungen mit den Primern T7- und SP6 bestätigten eine zur Sequenz SEQ ID NO: 22 identische Sequenz, wobei die 5'Region (Position 1-53) der SEQ ID NO: 22 im Amplifikat SEQ ID NO: 24 durch eine in der Sequenz abweichende Nonamersequenz ersetzt wurde. Dieser Klon wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJIT117 (Guerineau et al. 1988, Nucl. Acids Res. 16: 11380) verwendet.

[0291] Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 985 Bp SpHI Fragmentes aus pGEM-Teasy und Ligierung mit dem SpHI geschnittenen Vektor pJIT117. Der Klon, der die *Haematococcus pluvialis* Ketolase mit einem um 14 Aminosäuren verkürztem N-Terminus in der korrekten Orientierung als N-terminale translationale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJKET03.



## Beispiel 3:

Amplifikation einer cDNA, die die Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* Flotow em. Wille (Stamm 192.80 der "Sammlung von Algenkulturen der Universität Göttingen") bestehend aus der gesamten Primärsequenz und fusioniertem C-terminalem myc-Tag codiert.

[0292] Die cDNA, die für die Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* (Stamm 192.80) bestehend aus der gesamten Primärsequenz und fusioniertem C-terminalem myc-Tag codiert, wurde mittels PCR unter Verwendung des Plasmids pGKET02 (in Beispiel 1 beschrieben) und des Primers PR15 (SEQ ID NO: 32) hergestellt. Der Primer PR15 setzt sich zusammen aus einer antisense spezifischen 3'Region (Nucleotide 40 bis 59) und einer myc-Tag codierenden 5'Region (Nucleotide 1 bis 39).

[0293] Die Denaturierung (5 min bei 95°C) und Annealing (langsame Abkühlung bei Raumtemperatur auf 40°C) von pGKET02 und PR15 erfolgte in einem 11.5 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µg pGKET02 PlasmidDNA
- 0.1 µg PR15 (SEQ ID NO: 32)

[0294] Das Auffüllen der 3' Enden (30 min bei 30°C) erfolgte in einem 20 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1:1.5 µl pGKET02/PR15-Annealingsreaktion (hergestellt wie oben beschrieben)
- 5 µM dNTPs
- 2 µl 1X Klenow Puffer
- 2U Klenow Enzym

[0295] Die Nukleinsäure kodierend eine Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* (Stamm 192.80) bestehend aus der gesamten Primärsequenz und fusioniertem C-terminalem myc-Tag wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Haematococcus pluvialis* unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (PR2 SEQ ID NO: 30) und eines antisense spezifischen Primers (PR15 SEQ ID NO: 32) amplifiziert.

[0296] Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der cDNA, die für ein Ketolase Protein mit fusioniertem C-terminalem myc-Tag codiert, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl einer Annealingsreaktion (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTP<sub>s</sub>
- 0.2 mM PR15 (SEQ ID NO: 32)
- 0.2 mM PR2 (SEQ ID NO: 30)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0297] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X	94°C	2 Minuten
35X	94°C	1 Minute
	53°C	1 Minute
	72°C	1 Minute
1X	72°C	10 Minuten

Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID NO: 32 und SEQ ID NO: 30 resultierte in einem 1032 Bp-Fragment, das für ein Protein codiert, bestehend aus der gesamten Primärsequenz der Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* als zweifache translationale Fusion mit dem rbcS Transitpeptide am N-Terminus und dem myc-Tag am C-Terminus.

[0298] Das Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pGEM-Teasy (Promega) kloniert. Sequenzierungen mit den Primern T7- und SP6 bestätigten eine zur Sequenz SEQ ID NO: 22 identische Sequenz, wobei die 3'Region (Position 993 bis 1155) der SEQ ID NO: 22 im Amplifikat SEQ ID NO: 26 durch eine in der abweichende Sequenz aus 39 Bp ersetzt wurde. Dieser Klon wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJIT117 (Guerineau et al. 1988, Nucl. Acids Res. 16: 11380) verwendet.

[0299] Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 1038 Bp EcoRI-SpHI Fragmentes aus pGEM-Teasy und Ligierung mit dem EcoRI-SpHI geschnittenen Vektor pJIT117. Durch die Ligation entsteht eine translationale Fusion zwischen dem C-Terminus der rbcS Transitpeptidsequenz und dem N-Terminus der Ketolase Sequenz.

Der Klon, der die *Haematococcus pluvialis* Ketolase mit fusioniertem C-terminalem myc-Tag in der korrekten Orientierung als translationale N-terminale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJKETO4.

Beispiel 4:

Herstellung von Expressionsvektoren zur konstitutiven Expression der *Haematococcus pluvialis* Ketolase in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.

[0300] Die Expression der Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* in *L. esculentum* und in *Tagetes erecta* erfolgte unter Kontrolle des konstitutiven Promoters d35S aus CaMV (Franck et al. 1980, Cell 21: 285–294). Die Expression erfolgte mit dem Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240: 709–715).

[0301] Die Herstellung einer Expressionskassette für die Agrobacteriumvermittelte Transformation der Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO 02/00900).

- Zur Herstellung des Expressionsvektors pS3KET02 wurde das 2.8 Kb SacI-XhoI Fragment aus pJKET02 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert (**Abb. 5A**, Konstruktkarte). In der **Abb. 5A** beinhaltet Fragment d35S den duplizierten 35S Promoter (747 bp), Fragment rbcS das rbcS Transitpeptid aus Erbse (204 bp), Fragment KETO2 (1027 bp) die gesamte Primärsequenz codierend für die *Haematococcus pluvialis* Ketolase, Fragment term (761 bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

- Zur Herstellung des Expressionsvektors pS3KET03 wurde das 2.7 Kb bp SacI-XhoI Fragment aus pJKETO3 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert. (**Abb. 6**, Konstruktkarte). In der **Abb. 6** beinhaltet Fragment d35S den duplizierten 35S Promoter (747 bp), Fragment rbcS das rbcS Transitpeptid aus Erbse (204 bp), Fragment KETO3 (985 bp) die um 14 Nterminale Aminosäuren verkürzte Primärsequenz codierend für die *Haematococcus pluvialis* Ketolase, Fragment term (761 bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

- Zur Herstellung des Expressionsvektors pS3KETO4 wurde das 2.8 Kb SacI-XhoI Fragment aus pJKETO4 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert. (**Abb. 7**, Konstruktkarte). In der **Abb. 7** beinhaltet Fragment d35S den duplizierten 35S Promoter ((747 bp), Fragment rbcS das rbcS Transitpeptid aus Erbse (204 bp), Fragment KETO4 (1038 bp) die gesamte Primärsequenz codierend für die *Haematococcus pluvialis* Ketolase mit C-terminalem myc-Tag, Fragment term (761 bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

[0302] Die Herstellung einer Expressionskassette für die Agrobacteriumvermittelte Transformation der Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUNS (W002/00900).

- Zur Herstellung des *Tagetes*-Expressionsvektors pS5KET02 wurde das 2.8 Kb SacI-XhoI Fragment aus pJKETO2 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert (**Abb. 5B**, Konstruktkarte). In der **Abb. 5B** beinhaltet Fragment d35S den duplizierten 35S Promoter (747 bp), Fragment rbcS das rbcS Transitpeptid aus Erbse (204 bp), Fragment KETO2 (1027 bp) die gesamte Primärsequenz codierend für die *Haematococcus pluvialis* Ketolase, Fragment term (761 bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

Beispiel 5A:

Herstellung von Expressionsvektoren zur blütenspezifischen Expression der *Haematococcus pluvialis* Ketolase in *Lycopersicon esculentum* und *Tagetes erecta*.

[0303] Die Expression der Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* in *L. esculentum* und *Tagetes erecta* erfolgte mit dem Transitpeptid rbcS aus Erbse (Anderson et al. 1986, Biochem J. 240: 709–715). Die Expression erfolgte unter Kontrolle einer modifizierten Version AP3P des blütenspezifischen Promoters AP3 aus *Arabidopsis thaliana* (AL132971: Nukleotidregion 9298 bis 10200; Hill et al. (1998) Development 125: 1711–1721).

[0304] Das DNA Fragment, das die AP3 Promoterregion –902 bis +15 aus *Arabidopsis thaliana* beinhaltet, wurde mittels PCR unter Verwendung genomischer DNA (nach Standardmethoden aus *Arabidopsis thaliana* isoliert) sowie der Primer PR7 (SEQ ID NO: 33) und PR10 (SEQ ID NO: 36) hergestellt.

[0305] Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die das AP3-Promoterfragment (–902 bis +15) beinhaltet, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 100 ng genomischer DNA aus *A.thaliana*
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM PR7 (SEQ ID NO: 33)
- 0.2 mM PR10 (SEQ ID NO: 36)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)

- 0.25 µl Pfu Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0306] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X	94°C	2 Minuten
35X	94°C	1 Minute
	50°C	1 Minute
	72°C	1 Minute
1X	72°C	10 Minuten

[0307] Das 922 Bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pTAP3 erhalten.

[0308] Sequenzierung des Klon pTAP3 bestätigte eine Sequenz, die sich lediglich in durch eine Insertion (ein G in Position 9765 der Sequenz AL132971) und einen Basenaustausch (ein G statt ein A in Position 9726 der Sequenz AL132971) von der publizierten AP3 Sequenz (AL132971, Nukleotidregion 9298 bis 10200) unterscheidet. Diese Nukleotidunterschiede wurden in einem unabhängigen Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentieren somit die tatsächliche Nukleotidsequenz in den verwendeten *Arabidopsis thaliana* Pflanzen.

[0309] Die modifizierte Version AP3P wurde mittels rekombinanter PCR unter Verwendung des Plasmids pTAP3 hergestellt. Die Region 10200 bis 9771 wurde mit den Primern PR7 (SEQ ID NO: 33) und Primern PR9 (SEQ ID NO: 35) amplifiziert (Amplifikat A7/9), die Region 9526 bis 9285 wurde mit den PR8 (SEQ ID NO: 34) und PR10 (SEQ ID NO: 36) amplifiziert (Amplifikat A8/10).

[0310] Die-PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR-Reaktionen zur Amplifikation der DNA-Fragmente, die die Regionen Region 10200-9771 und Region 9526 bis 9285 des AP3 Promoters beinhalten, erfolgte in 50 µl Reaktionsansätzen, in denen enthalten war:

- 100 ng AP3 Amplifikat (oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM sense Primer (PR7 SEQ ID NO: 33 bzw. PR8 SEQ ID NO: 34)
- 0.2 mM antisense Primer (PR9 SEQ ID NO: 35 bzw. PR10 SEQ ID NO: 36)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Taq Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Ag. Dest.

[0311] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X	94°C	2 Minuten
35X	94°C	1 Minute
	50°C	1 Minute
	72°C	1 Minute
1X	72°C	10 Minuten

[0312] Die rekombinante PCR beinhaltet Annealing der sich über eine Sequenz von 25 Nukleotiden überlappenden Amplifikate A7/9 und A8/10, Vervollständigung zu einem Doppelstrang und anschließende Amplifizierung. Dadurch entsteht eine modifizierte Version des AP3 Promoters, AP3P, in dem die Positionen 9670 bis 9526 deletiert sind. Die Denaturierung (5 min bei 95°C) und Annealing (langsame Abkühlung bei Raumtemperatur auf 40°C) beider Amplifikate A7/9 und A8/10 erfolgte in einem 17.6 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 0.5 µg A7/9 Amplifikat
- 0.25 µg A8/10 Amplifikat

[0313] Das Auffüllen der 3'Enden (30 min bei 30°C) erfolgte in einem 20 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 17.6 µg A7/9 und A8/10-Annealingsreaktion (hergestellt wie oben beschrieben)
- 50 µM dNTPs
- 2 µl 1X Klenow Puffer
- 2U Klenow Enzym

[0314] Die Nukleinsäure codierend für die modifizierte Promoterversion AP3P wurde mittels PCR unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (PR7 SEQ ID NO: 33) und eines antisense spezifischen Primers (PR10 SEQ ID NO: 36) amplifiziert.

[0315] Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation des AP3P Fragmentes erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl Annealingsreaktion (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM PR7 (SEQ ID NO: 33)
- 0.2 mM PR10 (SEQ ID NO: 36)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Taq Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0316] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X	94°C	2 Minuten
35X	94°C	1 Minute
	50°C	1 Minute
	72°C	1 Minute
1X	72°C	10 Minuten

[0317] Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID NO: 33 und SEQ ID NO: 36 resultierte in einem 778 Bp Fragment das für die modifizierte Promoterversion AP3P codiert. Das Amplifikat wurde in den Klonierungsvektor pCR2.1 (Invitrogen) kloniert. Sequenzierungen mit den Primern T7 und M13 bestätigten eine zur Sequenz AL132971, Region 10200 bis 9298 identische Sequenz, wobei die interne Region 9285 bis 9526 deletiert wurde. Diese Klon wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJIT117 (Guerineau et al. 1988, Nucl. Acids Res. 16: 11380) verwendet.

[0318] Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 771 Bp SacI-HindIII Fragmentes aus pTAP3P und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJIT117. Der Klon, der den Promoter AP3P anstelle des ursprünglichen Promoters d35S enthält, heisst pJAP3P.

[0319] Zur Herstellung einer Expressionskassette pJAP3PKET02 wurde das 1027 Bp SpHI-Fragment KETO2 (in Beispiel 1 beschrieben) in den SpHI geschnittenen Vektor pJAP3P kloniert. Der Klon, der das Fragment KETO2 in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJAP3PKET02.

[0320] Zur Herstellung einer Expressionskassetten pJAP3PKETO4 wurde das 1032 Bp SpHI-EcoRI Fragment KETO4 (in Beispiel 3 beschrieben) in den SpHI-EcoRI geschnittenen Vektor pJAP3P kloniert. Der Klon, der das Fragment KETO4 in der korrekten Orientierung als N-terminale Fusion mit dem rbcS Transitpeptid enthält, heisst pJAP3PKETO4.

[0321] Die Herstellung eines Expressionsvektors für die Agrobacteriumvermittelte Transformation der AP3P-kontrollierten Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* in *L. esculentum* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO 02/00900).

- Zur Herstellung des Expressionsvektors pS3AP3PKET02 wurde das 2.8 KB by SacI-XhoI Fragment aus pJAP3PKET02 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert (**Abb. 8A**, Konstruktkarte). In der **Abb. 8A** beinhaltet Fragment AP3P den modifizierten AP3P Promoter (771 bp), Fragment rbcS das rbcS Transitpeptid aus Erbse (204 bp), Fragment KETO2 (1027 bp) die gesamte Primärsequenz codierend für die *Haematococcus pluvialis* Ketolase, Fragment term (761 Bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.
- Zur Herstellung des Expressionsvektors pS3AP3PKET04 wurde das 2.8 KB SacI-XhoI Fragment aus pJAP3PKET04 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert. (**Abb. 9**, Konstruktkarte). In der **Abb. 9** beinhaltet Fragment AP3P den modifizierten AP3P Promoter (771 bp), Fragment rbcS das rbcS Transitpeptid aus Erbse (204 bp), Fragment KETO4 (1038 bp) die gesamte Primärsequenz codierend für die *Haematococcus pluvialis* Ketolase mit C-terminalem myc-Tag, Fragment term (761 Bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

[0322] Die Herstellung einer Expressionsvektors für die Agrobacteriumvermittelte Transformation der AP3P-kontrollierten Ketolase aus *Haematococcus pluvialis* in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO 02/00900).

[0323] Zur Herstellung des Expressionsvektors pS5AP3PKET02 wurde das 2.8 KB by SacI-XhoI Fragment aus pJAP3PKET02 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert (**Abb. 8B**, Konstruktkarte). In der

**Abb. 8B** beinhaltet Fragment AP3P den modifizierten AP3P Promoter (771 bp), Fragment rbcS das rbcS Transipteptid aus Erbse (204 bp), Fragment KETO2 (1027 bp) die gesamte Primärsequenz codierend für die Haematococcus pluvialis Ketolase, Fragment term (761 Bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV

#### Beispiel 5B:

Amplifikation einer Chimären cDNA, die die Ketolase aus Haematococcus pluvialis Flotow em. Wille mit einer heterologen 5' nicht translatierten Region (5'UTR) beinhaltet, und Herstellung eines Expressionsvektors zur blütenspezifischen Expression der Haematococcus pluvialis Ketolase ohne Verwendung eines heterologen Transitpeptides in Lycopersicon esculentum.

[0324] Die cDNA, die die Ketolase aus Haematococcus pluvialis (Stamm 192.80) folgend auf eine heterologe "5'nicht-translatierten Region" (5'UTR) enthält, wurde mittels PCR hergestellt.

[0325] Die Nukleinsäure kodierend eine Ketolase aus Haematococcus pluvialis (Stamm 192.80) mit einer "5'nicht-translatierten Region" (5'UTR) wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus dem Plasmid pGKET02 unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (PR142 SEQ ID NO: 78) und eines antisense spezifischen Primers (PR1 SEQ ID NO: 29) amplifiziert.

[0326] Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation des Fragmentes, das sowohl für ein Ketolase Protein codiert als auch eine heterologe 5'UTR Region enthält, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 10 ng des Plasmids pGKET02 (in Beispiel 1 beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM PR1 (SEQ ID NO: 29)
- 0.2 mM PR142 (SEQ ID NO: 78)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 25.8 µl Aq. Dest.

[0327] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X	94°C	2 Minuten
35X	94°C	1 Minute
	53°C	2 Minuten
	72°C	3 Minuten
1X	72°C	10 Minuten

[0328] Die PCR-Amplifikation mit PR1 und PR142 resultierte in einem 1.1 KB Fragment, das eine heterologe 5'UTR Region, gefolgt von der kodierenden Region für ein Ketolase, enthält (SEQ ID NO: 79)

[0329] Das Rmplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR2.1 (Invitrogen) kloniert. Sequenzierungen des resultierenden Klones pTA-KETO5 mit den Primern T7 und M13 bestätigten eine Sequenz (SEQ ID NO: 79), die [abgesehen vom 5'Terminus, der identisch zu pJIT117 ist (Guerineau et al. 1988, Nucl. Acids Res. 16: 11380)], identisch zur Sequenz SEQ ID NO: 22 ist. Dieser Klon wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJAP3PKETO2 (Beispiel 5A) verwendet.

[0330] Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 0.3 KB HindIII Fragmentes aus pTA-KETO5 und Ligierung in den HindIII-geschnittenen Vektor pJAP3PKETO2. Der Klon, der den AP3P Promoter, gefolgt vom 5'UTR aus pJIT117 und der kompletten kodierenden Sequenz für die Haematococcus pluvialis Ketolase enthält, heisst pJAP3PKETO5.

[0331] Die Expression der Ketolase aus Haematococcus pluvialis in L. esculentum erfolgte unter Kontrolle des Promoters AP3P (siehe Beispiel 5A) und des 5'UTRs aus pJIT117. Die Herstellung einer Expressionskassette für die Agrobacterium-vermittelte Transformation der Ketolase aus Haematococcus pluvialis in L. esculentum erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN3 (WO 02/00900).

[0332] Zur Herstellung des Expressionsvektors pS3AP3PKETO5 wurde das 2.8 Kb SacI-XhoI Fragment aus pJAP3PKETO5 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN3 ligiert (**Abb. 21**, Konstruktkarte). In der Abbildung 21 beinhaltet Fragment AP3P den AP3P-Promoter (747 bp), Fragment 5'UTR die 5'UTR Sequenz aus pJIT117 (30 bp), Fragment KETO5 (1.0 kb) die gesamte Primärsequenz codierend für die Haematococcus pluvialis Ketolase, Fragment term (761 bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

## Beispiel 6:

Herstellung transgener *Lycopersicon esculentum* Pflanzen

[0333] Transformation und Regeneration von Tomatenpflanzen erfolgte nach der publizierten Methode von Ling und Mitarbeitern (Plant Cell Reports (1998), 17: 843–847). Für die Varietät Microtom wurde mit höherer Kanamycin-Konzentration (100 mg/L) selektioniert.

[0334] Als Ausgangsexplantat für die Transformation dienten Kotyledonen und Hypokotyle sieben bis zehn Tage alter Keimlinge der Linie Microtom. Für die Keimung wurde das Kulturmedium nach Murashige und Skoog (1962: Murashige and Skoog, 1962, Physiol. Plant 15, 473-) mit 2 % Saccharose, pH 6.1 verwendet. Die Keimung fand bei 21°C bei wenig Licht (20 bis 100 µE) statt. Nach sieben bis zehn Tagen wurden die Kotyledonen quer geteilt und die Hypokotyle in ca. 5 bis 10 mm lange Abschnitte geschnitten und auf das Medium MSBN (MS, pH 6,1, 3% Saccharose + 1 mg/l BAP, 0,1 mg/l NAA) gelegt, das am Vortag mit suspensionskultivierten Tomatenzellen beschickt wurde. Die Tomatenzellen wurden luftblasenfrei mit sterilem Filterpapier abgedeckt. Die Vorkultur der Explantate auf dem beschriebenen Medium erfolgte für drei bis fünf Tage. Zellen des Stammes *Agrobacterium tumefaciens* LBA4404 wurden einzeln mit den Plasmiden pS3KETO2, pS3KETO3, pS3AP3PKETO5 bzw. pS3AP3KETO2 transformiert. Von den einzelnen mit den Binärvektoren pS3KETO2, pS3KETO3 bzw. pS3KETO2 transformierten *Agrobacterium*-Stämmen wurde jeweils eine Übernachtskultur in YEB Medium mit Kanamycin (20 mg/l) bei 28 Grad Celsius kultiviert und die Zellen zentrifugiert. Das Bakterienpellet wurde mit flüssigem MS Medium (3 % Saccharose, pH 6,1) resuspendiert und auf eine optische Dichte von 0,3 (bei 600 nm) eingestellt. Die vorkultivierten Explantate wurden in die Suspension überführt und für 30 Minuten bei Zimmertemperatur unter leichtem Schütteln inkubiert. Anschließend wurden die Explantate mit sterilem Filterpapier getrocknet und für die dreitägige Co-Kultur (21°C) auf ihr Vorkulturmedium zurück gelegt.

[0335] Nach der Co-kultur wurden die Explantate auf MSZ2 Medium (MS pH 6,1 + 3 % Saccharose, 2 mg/l Zeatin, 100 mg/l Kanamycin, 160 mg/l Timentin) transferiert und für die selektive Regeneration bei 21°C unter Schwachlicht Bedingungen (20 bis 100 µE, Lichtrhythmus 16 h/8 h) aufbewahrt. Alle zwei bis drei Wochen erfolgte der Transfer der Explantate bis sich Sprosse bilden. Kleine Sprosse konnten vom Explantat abgetrennt werden und auf MS (pH 6,1 + 3 % Saccharose) 160 mg/l Timentin, 30 mg/l Kanamycin, 0,1 mg/l IAA bewurzelt werden. Bewurzelte Pflanzen wurden ins Gewächshaus überführt.

[0336] Gemäß der oben beschriebenen Transformationsmethode wurden mit folgenden Expressionskonstrukten folgende Linien erhalten:

Mit pS3KETO2 wurde erhalten: cs13-8, cs13-24, cs13-30, cs13-40.

Mit pS3KETO3 wurde erhalten: cs14-2, cs14-3, cs14-9, cs14-19.

Mit pS3AP3PKETO2 wurde erhalten: cs16-15, cs16-34, cs16-35, cs16-40.

[0337] Tabelle 1 zeigt das Erscheinungsbild der Blütenblätter der erfindungsgemäß genetisch veränderten Tomatenpflanzen. Die Analyse der Ketocarotinoide erfolgte wie nachstehend beschrieben.

Tabelle 1

Pflanze	Blütenfarbe	Astaxanthin	Adonixanthin
Control	gelb	nein	nein
Control	gelb	nein	nein
CS13-8	orange	ja	ja
CS13-24	orange	ja	ja
CS13-30	orange	ja	ja
CS13-40	orange	ja	ja
CS14-2	orange	ja	ja
CS14-3	orange	ja	ja
CS14-9	orange	ja	ja
CS14-19	orange	ja	ja
CS16-15	orange	ja	ja
CS 16-34	orange	ja	ja
CS 16-35	orange	ja	ja
CS 16-40	orange	ja	ja

## Beispiel 7:

## Herstellung transgener Tagetes Pflanzen

[0338] Tagetessamen werden sterilisiert und auf Keimungsmedium (MS-Medium; Murashige and Skoog, *Physiol. Plant.* 15 (1962), 473–497) pH 5,8, 2 % Saccharose) aufgelegt. Die Keimung erfolgt in einem Temperatur/Licht/Zeitintervall von 18 bis 28°C/20–200 µE/3 bis 16 Wochen, bevorzugt jedoch bei 21°C, 20 bis 70 µE, für 4 bis 8 Wochen.

[0339] Alle Blätter der sich bis dahin entwickelten in vitro Pflanzen werden geerntet und quer zur Mittelrippe geschnitten. Die dadurch entstehenden Blattexplantate mit einer Größe von 10 bis 60 mm<sup>2</sup> werden im Verlaufe der Präparation in flüssigem MS-Medium bei Raumtemperatur für maximal 2 h aufbewahrt.

[0340] Ein beliebiger Agrobakterium tumefaciens Stamm, bevorzugt aber ein supervirulenter Stamm, wie z.B. EHA105 mit einem entsprechenden Binärplasmid, das ein Selektionsmarkergen (bevorzugt bar oder pat) sowie ein oder mehrere Trait- oder Reportergene tragen kann wird (beispielsweise pS5KETO2 und pS5AP3PKETO2), über Nacht angezogen und für die Co-Kultivierung mit dem Blattmaterial verwendet. Die Anzucht des Bakterienstammes kann wie folgt erfolgen: Eine Einzelkolonie des entsprechenden Stammes wird in YEB (0,1 % Hefeextrakt, 0,5 % Rindfleischextrakt, 0,5 % Pepton, 0,5 % Saccharose, 0,5 % Magnesiumsulfat × 7 H<sub>2</sub>O) mit 25 mg/l Kanamycin angeimpft und bei 28°C für 16 bis 20 h angezogen. Anschließend wird die Bakteriensuspension durch Zentrifugation bei 6000 g für 10 min geerntet und derart in flüssigem MS Medium resuspendiert, dass eine OD<sub>600</sub> von ca. 0,1 bis 0,8 entstand. Diese Suspension wird für die C-Kultivierung mit dem Blattmaterial verwendet.

[0341] Unmittelbar vor der Co-Kultivierung wird das MS-Medium, in dem die Blätter aufbewahrt worden sind, durch die Bakteriensuspension ersetzt. Die Inkubation der Blättchen in der Agrobakteriensuspension erfolgte für 30 min unter leichtem Schütteln bei Raumtemperatur. Anschließend werden die infizierten Explantate auf ein mit Agar (z.B. 0,8 % Plant Agar (Duchefa, NL) verfestigtes MS-Medium mit Wachstumsregulatoren, wie beispielsweise 3 mg/l Benzylaminopurin (BAP) sowie 1 mg/l Indolylessigsäure (IAA) aufgelegt. Die Orientierung der Blätter auf dem Medium ist bedeutungslos. Die Kultivierung der Explantate findet für 1 bis 8 Tage, bevorzugt aber für 6 Tage statt, dabei können folgende Bedingungen angewendet werden: Lichtintensität: 30 bis 80 µMol/m<sup>2</sup> × sec, Temperatur: 22 bis 24°C, hell/dunkel Wechsel von 16/8 Stunden. Anschließend werden die co-kultivierten Explantate auf frisches MS-Medium, bevorzugt mit den gleichen Wachstumsregulatoren übertragen, wobei dieses zweite Medium zusätzlich ein Antibiotikum zur Unterdrückung des Bakterienwachstums enthält. Timentin in einer Konzentration von 200 bis 500 mg/l ist für diesen Zweck sehr geeignet. Als zweite selektive Komponente wird eine für die Selektion des Transformationserfolges eingesetzt. Phosphinothricin in einer Konzentration von 1 bis 5 mg/l selektiert sehr effizient, aber auch andere selektive Komponenten gemäß des zu verwendenden Verfahrens sind denkbar.

[0342] Nach jeweils ein bis drei Wochen erfolgt der Transfer der Explantate auf frisches Medium bis sich Sprossknospen und kleine Sprosse entwickeln, die dann auf das gleiche Basalmedium einschließlich Timentin und PPT oder alternative Komponenten mit Wachstumsregulatoren, nämlich z.B. 0,5 mg/l Indolylbuttersäure (IBA) und 0,5 mg/l Gibberillinsäure GA3, zur Bewurzelung übertragen werden. Bewurzelte Sprosse können ins Gewächshaus überführt werden.

[0343] Zusätzlich zu der beschriebenen Methode sind folgende vorteilhafte Modifikationen möglich:

- Bevor die Explantate mit den Bakterien infiziert werden, können sie für 1 bis 12 Tage, bevorzugt 3 bis 4, auf das oben beschriebene Medium für die Co-Kultur vorinkubiert werden. Anschließend erfolgt die Infektion, Co-Kultur und selektive Regeneration wie oben beschrieben.
- Der pH Wert für die Regeneration (normalerweise 5,8) kann auf pH 5,2 gesenkt werden. Dadurch wird die Kontrolle des Agrobakterienwachstums verbessert.
- Die Zugabe von AgNO<sub>3</sub> (3 – 10 mg/l) zum Regenerationsmedium verbessert den Zustand der Kultur einschließlich der Regeneration selbst.
- Komponenten, die die Phenolbildung reduzieren und dem Fachmann bekannt sind, wie z.B. Zitronensäure, Ascorbinsäure, PVP u.v.a.m., wirken sich positiv auf die Kultur aus.
- Für das gesamte Verfahren kann auch flüssiges Kulturmedium Verwendung finden. Die Kultur kann auch auf handelsüblichen Trägern, die auf dem flüssigen Medium positioniert werden inkubiert werden.

[0344] Gemäß der oben beschriebenen Transformationsmethode wurden mit folgenden Expressionskonstrukten folgende Linien erhalten: Mit pS5KETO2 wurde beispielsweise erhalten: cs18-1 und cs18-2, mit pS5AP3PKETO2 wurde beispielsweise erhalten: cs19-1, cs19-2 und cs19-3.

## Beispiel 8

## Charakterisierung der transgenen Pflanzenblüten

## Beispiel 8.1

## Trennung von Carotinoidestern in Blütenblättern transgener Pflanzen

## Allgemeine Arbeitsvorschrift:

[0345] Die Blütenblätter der transgenen Pflanzen werden in flüssigem Stickstoff gemörst und das Petalenpulver (etwa 40 mg) mit 100 % Aceton extrahiert (dreimal je 500 µl). Das Lösungsmittel wird evaporiert und die Carotinoide in 100 bis 200 µl Petrolether/Aceton (5:1, v/v) resuspendiert.

[0346] Die Carotinoide werden in konzentrierter Form mittels Dünnschicht-Chromatographie (TLC) auf Silica60 F254-Platten (Merck) in einem organischen Laufmittel (Petrolether/Aceton; 5:1) entsprechend ihrer Phobizität aufgetrennt. Gelbe (Xanthophyllester), rote (Ketocarotinoidester) und orange Banden (Mischung aus Xanthophyll- und Ketocarotinoidestern) auf der TLC werden ausgekratzt.

[0347] Die an Silica gebundenen Carotinoide werden dreimal mit 500 µl Aceton eluiert, das Lösungsmittel evaporiert und die Carotinoide mittels HPLC aufgetrennt und identifiziert.

[0348] Mittels einer C30-reverse phase-Säule kann zwischen Mono- und Diestern der Carotinoide unterschieden werden. HPLC-Laufbedingungen waren nahezu identisch mit einer publizierten Methode (Frazer et al. (2000), Plant Journal 24(4): 551-558). Eine Identifizierung der Carotinoide ist aufgrund der W-VIS-Spektren möglich.

[0349] Petalenmaterial der transgenen Tomatenpflanzen CS13-8, cs13-24, cs13-30, cs13-40, cs14-2, cs14-3, cs14-9, cs14-19 wurden gemörst und mit Aceton extrahiert. Extrahierte Carotinoide wurden mittels TLC aufgetrennt. In beiden Linien konnten Mono- und Diester von Ketocarotinoiden detektiert werden; die Monoester waren in deutlich geringerer Konzentration als die Diester vorhanden.

[0350] HPLC-Analysen ergaben, das Diester der Xanthophylle (gelbe Bande) und der Ketocarotinoide (rote Bande) vorlagen; die Diester der Ketocarotinoide lagen in etwa 10mal höherer Konzentration vor als die Monoester (**Abb. 10**).

[0351] Petalenmaterial der transgenen Tomatenpflanzen cs16-15, cs16-34, cs16-35, cs16-40, die den AP3-Promotor tragen, wurden gemörst und mit Aceton extrahiert. Extrahierte Carotinoide wurden mittels TLC aufgetrennt. Monoester von Ketocarotinoiden konnten nicht oder nur in äußerst geringer Konzentration nachgewiesen werden. Diester der Ketocarotinoide waren in gleicher Menge wie in Linien CS13 und CS14 vorhanden. Diester der Xanthophylle waren mengenmäßig wenig verändert im Vergleich zu Kontrollpflanzen.

[0352] **Abb. 9A** zeigt ein Dünnschicht-Chromatogramm. Die Carotinoide aus Tomatenpetalen wurden mit Aceton extrahiert und mittels Dünnschicht-Chromatographie aufgetrennt. Im Vergleich zu Kontroll-Extrakten konnten zusätzliche Carotinoidbanden [(1), (2) und (3)] in Petalen transgener Tomatenpflanzen detektiert werden.

[0353] **Abb. 10** zeigt ein HPLC-Diagramm. Die zusätzlichen Carotinoidbanden in Petalen transgener Tomatenfrüchte (siehe (1-3) in **Abb. 9A**) wurden extrahiert, mit Aceton eluiert und mittels HPLC analysiert. (1) wurde als Monoester, (2) und (3) wurden als Diester identifiziert.

## Beispiel 9

## Enzymatische Hydrolyse von Carotinoidestern und Identifizierung der Carotinoide

## Allgemeine Arbeitsvorschrift

[0354] Gemörstertes Petalenmaterial (50 bis 100 mg Frischgewicht) wird mit 100 % Aceton (dreimal 500 µl; jeweils etwa 15 Minuten schütteln) extrahiert. Das Lösungsmittel wird evaporiert. Carotinoide werden anschließend in 400 µl Aceton aufgenommen (Absorption bei 475 nm zwischen 0,75 und 1,25) und 5 min im Ultraschall-Bad behandelt. Der Carotinoid-Extrakt wird mit 300 µl 50 mM Tris-HCl-Puffer (pH 7,0) gemischt und 5 bis 10 Minuten bei 37°C inkubiert. Danach erfolgt die Zugabe von 100 bis 200 µl Cholesterol-Esterase (Stamm-lösung: 6,8 units/ml einer Cholesterol-Esterase von *Pseudomonas spec.*). Nach 8 bis 12 Stunden wird nochmals 100 bis 200 µl Enzym zugegeben; Hydrolyse der Ester erfolgt innerhalb von 24 Stunden bei Inkubation bei 37°C. Nach Zugabe 0,35 g Na<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>×10H<sub>2</sub>O und 500 µl Petrolether wird gut gemischt und zentrifugiert (3 Minuten; 4500 g). Petrolether-Phase wird abgezogen und nochmals mit 0,35 g Na<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>×10H<sub>2</sub>O (anhydrous) gemischt. Zentrifugation für 1 Minute bei 10000 g. Petrolether wird evaporiert und freie Carotinoide werden in 100 bis 120 µl Aceton aufgenommen. Mittels HPLC und C30-reverse phase-Säule können freie Carotinoide



aufgrund von Retentionszeit und UV-VIS-Spektren identifiziert werden.

[0355] Isolierte Ketocarotinoidester (Mono- und Diester) der Linien CS13, CS14 und CS16 wurden mit Cholesterol-Esterase hydrolysiert und die freigesetzten Carotinoide mittels HPLC aufgetrennt. Identifizierung der Carotinoide erfolgte aufgrund von Retentionszeit und Spektrum im Vergleich zu Carotinoid-Standards. Mono- und Diester enthalten Astaxanthin in hoher Konzentration (90%) und Adonixanthin in geringer Konzentration (10%). (siehe Tabelle und Abbildungen)

[0356] **Abb. 11** zeigt ein HPLC-Diagramm. Die eluierten Ester aus Beispiel 9 (**Abb. 10**) wurden enzymatisch hydrolysiert und die Hydrolyseprodukte mittels HPLC analysiert. Sowohl Mono- als auch Diester enthalten Astaxanthin als Hauptcarotinoid sowie Adonixanthin in geringer Konzentration.

#### Beispiel 10:

Herstellung eines Klonierungsvektors zur Herstellung von Inverted-Repeat-Expressionskassetten für die blü- tenspezifischen Expression von Epsilon-cyclase dsRNAs in *Tagetes erecta*

[0357] Die Expression von Inverted-Repeat Transkripten bestehend aus Fragmenten der Epsilon-Cyclase in *Tagetes erecta* erfolgte unter Kontrolle einer modifizierten Version AP3P des blütenspezifischen Promoters AP3 aus *Arabidopsis thaliana* (AL132971: Nukleotidregion 9298 bis 10200; Hill et al. (1998) Development 125: 1711 bis 1721).

[0358] Das Inverted-Repeat Transkript enthält jeweils ein Fragment in korrekter Orientierung (Sense-Frag- ment) und ein sequenzidentisches Fragment in entgegengesetzter Orientierung (Antisense-Fragment), die durch ein funktionelles Intron, das PIV2 Intron des ST-LH1 Genes aus Kartoffel (Vancanneyt G. et al.(1990) Mol Gen Genet 220: 245–50) mit einander verbunden sind.

[0359] Die cDNA, die für den AP3 Promoter (–902 bis +15) aus *Arabidopsis thaliana* codiert, wurde mittels PCR unter Verwendung genomischer DNA (nach Standardmethode aus *Arabidopsis thaliana* isoliert) und der Primer PR7 (SEQ ID NO: 49) und PR10 (SEQ ID NO: 52) hergestellt.

[0360] Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der DNA, die das AP3-Promoterfragment (–902 bis +15) codiert, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl genomischer DNA aus *A.thaliana* (1:100 verd hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTP<sub>s</sub>
- 0.2 mM PR7 (SEQ ID NO: 49)
- 0.2 mM PR10 (SEQ ID NO: 52)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0361] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X	94°C	2 Minuten
35X	94°C	1 Minute
	50°C	1 Minute
	72°C	1 Minute
1X	72°C	10 Minuten

[0362] Das 922 Bp Amplifikat wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvek- tor pCR 2.1 (Invitrogen) kloniert und das Plasmid pTAP3 erhalten. Sequenzierung des Klons pTAP3 bestätigte eine Sequenz, die sich lediglich in durch eine Insertion (ein G in Position 9765 der Sequenz AL132971) und einen Basenaustausch (ein G statt ein A in Position 9726 der Sequenz AL132971) von der publizierten AP3 Sequenz (AL132971, Nukleotidregion 9298 bis 10200) unterscheidet (Position 33: T statt G, Position 55: T statt G). Diese Nukleotidunterschiede wurden in einem unabhängigen Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentieren somit die Nukleotidsequenz in der verwendeten *Arabidopsis thaliana* Pflanze.

[0363] Die modifizierte Version AP3P wurde mittels rekombinanter PCR unter Verwendung des Plasmids pTAP3 hergestellt. Die Region 10200 bis 9771 wurde mit den Primern PR7 (SEQ ID NO: 49) und Primern PR9 (SEQ ID NO: 51) amplifiziert (Amplifikat A7/9), die Region 9526 bis 9285 wurde mit den PR8 (SEQ ID NO: 50) und PR10 (SEQ ID NO: 52) amplifiziert (Amplifikat A8/10).

[0364] Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR-Reaktionen zur Amplifikation der DNA-Fragmente, die für die Regionen Region 10200 bis 9771 und 9526 bis 9285 des AP3 Promoters codieren, erfolgte in 50 µl Reaktionsansätzen, in denen enthalten war:

- 100 ng AP3 Amplifikat (oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM PR7 (SEQ ID NO: 49) bzw. PR8 (SEQ ID NO: 50)
- 0.2 mM PR9 (SEQ ID NO: 51) bzw. PR10 (SEQ ID NO: 52)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Taq Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0365] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X	94°C	2 Minuten
35X	94°C	1 Minute
	50°C	2 Minuten
	72°C	3 Minuten
1X	72°C	10 Minuten

[0366] Die rekombinante PCR beinhaltet Annealing der sich über eine Sequenz von 25 Nukleotiden überlappenden Amplifikate A7/9 und A8/10, Vervollständigung zu einem Doppelstrang und anschließende Amplifizierung. Dadurch entsteht eine modifizierte Version des AP3 Promoters, AP3P, in dem die Positionen 9670 bis 9526 deletiert sind. Die Denaturierung (5 min bei 95°C) und Annealing (langsame Abkühlung bei Raumtemperatur auf 40°C) beider Amplifikate A7/9 und A8/10 erfolgte in einem 17.6 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 0.5 µg A7/9
- 0.25 µg A8/10

[0367] Das Auffüllen der 3'Enden (30 min bei 30°C) erfolgte in einem 20 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 17.6 µl A7/9 und A8/10-Annealingsreaktion (hergestellt wie oben beschrieben)
- 50 µM dNTPS
- 2 µl 1X Klenow Puffer
- 2U Klenow Enzym

[0368] Die Nukleinsäure codierend für die modifizierte Promoterversion AP3P wurde mittels PCR unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (PR7 SEQ ID NO: 49) und eines antisense spezifischen Primers (PR10 SEQ ID NO: 52) amplifiziert.

[0369] Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation des AP3P Fragmentes erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl Annealingsreaktion (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 mM PR7 (SEQ ID NO: 49)
- 0.2 mM PR10 (SEQ ID NO: 52)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (Stratagene)
- 0.25 µl Pfu Taq Polymerase (Stratagene)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0370] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X	94°C	2 Minuten
35X	94°C	1 Minute
	50°C	1 Minuten
	72°C	1 Minuten
1X	72°C	10 Minuten

[0371] Die PCR-Amplifikation mit PR7, SEQ ID NO: 49 und PR10 SEQ ID NO: 52 resultierte in einem 778 Bp Fragment das für die modifizierte Promoterversion AP3P codiert. Das Amplifikat wurde in den Klonierungsvek-

tor pCR2.1 (Invitrogen) kloniert. Sequenzierungen mit den Primern T7 und M13 bestätigten eine zur Sequenz AL132971, Region 10200 bis 9298 identische Sequenz, wobei die interne Region 9285 bis 9526 deletiert wurde. Diese Klon wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJIT117 (Guerineau et al. 1988, Nucl. Acids Res. 16: 11380) verwendet.

[0372] Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 771 Bp SacI-HindIII Fragmentes aus pTAP3P und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJIT117. Der Klon, der den Promoter AP3P anstelle des ursprünglichen Promoters d355 enthält, heisst pJAP3P.

[0373] Ein DNA-Fragment, das das PIV2 Intron des Gens ST-LS1 enthält wurde mittels PCR unter Verwendung von Plasmid-DNA p35SGUS INT (Vancanneyt G. et al. (1990) Mol Gen Genet 220: 245-50) sowie der Primer PR40 (Seq ID NO: 54) und Primer PR41 (Seq ID NO: 55) hergestellt.

[0374] Die PCR-Bedingungen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation der Sequenz des Intron PIV2 des Gens ST-LS1, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl p35SGUS INT
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 µM PR40 (SEQ ID NO: 54)
- 0.2 µM PR41 (SEQ ID NO: 55)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0375] Die PCR wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X	94°C	2 Minuten
35X	94°C	1 Minute
	53°C	1 Minuten
	72°C	1 Minuten.
1X	72°C	10 Minuten

[0376] Die PCR-Amplifikation mit PR40 und PR41 resultierte in einem 206 Bp-Fragment. Unter Verwendung von Standardmethoden wurde das Amplifikat in den PCR-Klonierungsvektor pBluntII (Invitrogen) kloniert und der Klon pBluntII-40-41 erhalten. Sequenzierungen dieses Klons mit dem Primer SP6 bestätigte eine Sequenz, die identisch ist mit der entsprechenden Sequenz aus dem Vektor p35SGUS INT.

[0377] Dieser Klon wurde daher für die Klonierung in den Vektor pJAP3P (oben beschrieben).

[0378] Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 206 Bp Sall-BamHI Fragmentes aus pBluntII-40-41 und Ligierung mit dem Sall-BamHI geschnittenen Vektor pJAP3P. Der Klon, der das Intron PIV2 des Gens ST-LS1 in der korrekten Orientierung anschließend an das 3'Ende des rbcS Transitpeptides enthält, heisst pJA11 und ist geeignet, Expressionskassetten für die blütenspezifische Expression von Inverted-Repeat Transkripten herzustellen.

[0379] In der **Abb. 12** beinhaltet Fragment AP3P den modifizierten AP3P Promoter (771 bp), Fragment rbcS das rbcS Transitpeptid aus Erbse (204 bp), Fragment intron das Intron PIV2 des Kartoffel-Gens ST-LS1, und Fragment term (761 Bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

#### Beispiel 11

Herstellung von Inverted-Repeat-Expressionskassetten für die blütenspezifische Expression von Epsilon-cyclase dsRNAs in *Tagetes erecta* (gerichtet gegen die 5'Region der Epsilon-Cyclase cDNA)

[0380] Die Nukleinsäure, die die 5'terminale 435 bp Region der Epsilon-Cyclase cDNA (Genbank accession NO: AF251016) enthält, wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Tagetes erecta* cDNA unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (PR42 SEQ ID NO: 56) und eines antisense spezifischen Primers (PR43 SEQ ID NO: 57) amplifiziert. Die 5'terminale 435 bp Region der Epsilon-Cyclase cDNA aus *Tagetes erecta* setzt sich zusammen aus 138 bp 5'Nicht-translatierter Sequenz (5'UTR) und 297 bp der dem N-Terminus entsprechenden kodierenden Region.

[0381] Für die Präparation von Total-RNA aus Blüten von *Tagetes* wurden 100mg der gefrorenen, pulverisierten Blüten in ein Reaktionsgefäß überführt und in 0.8 ml Trizol-Puffer (LifeTechnologies) aufgenommen. Die Suspension wurde mit 0.2 ml Chloroform extrahiert. Nach 15 minütiger Zentrifugation bei 12000 g wurde der wässrige Überstand abgenommen und in ein neues Reaktionsgefäß überführt und mit einem Volumen Ethanol extrahiert. Die RNA wurde mit einem Volumen Isopropanol gefällt, mit 75% Ethanol gewaschen und das Pellet

in DEPC Wasser (über Nacht Inkubation von Wasser mit 1/1000 Volumen Diethylpyrocarbonat bei Raumtemperatur, anschließend autoklaviert) gelöst. Die RNA-Konzentration wurde photometrisch bestimmt. Für die cDNA-Synthese wurden 2.5 µg Gesamt-RNA für 10 min bei 60°C denaturiert, für 2 min auf Eis abgekühlt und mittels eines cDNA-Kits (Ready-to-go-you-prime-beads, Pharmacia Biotech) nach Herstellerangaben unter Verwendung eines antisense spezifischen Primers (PR17 SEQ ID NO: 53) in cDNA umgeschrieben.

[0382] Die Bedingungen der anschließenden PCR-Reaktionen waren die folgenden: Die PCR zur Amplifikation des PR42-PR43 DNA-Fragmentes, das die 5'terminale 435bp Region der Epsilon-Cyclase enthält, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl cDNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 µM PR42 (SEQ ID NO: 56)
- 0.2 µM PR43 (SEQ ID NO: 57)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0383] Die PCR zur Amplifikation des PR44-PR45 DNA-Fragmentes, das die 5'terminale 435 bp Region der Epsilon-Cyclase enthält, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl cDNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 µM PR44 (SEQ ID NO: 58)
- 0.2 µM PR45 (SEQ ID NO: 59)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0384] Die PCR-Reaktionen wurden unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X	94°C	2 Minuten
35X	94°C	1 Minute
	58°C	1 Minuten
	72°C	1 Minuten
1X	72°C	10 Minuten

[0385] Die PCR-Amplifikation mit Primer PR42 und PR43 resultierte in einem 443 Bp-Fragment, die PCR-Amplifikation mit Primer PR44 und PR45 resultierte in einem 444 Bp-Fragment.

[0386] Die beiden Amplifikate, das PR42-PR43 (HindIII-Sall sense) Fragment und das PR44-PR45 (EcoRI-BamHI antisense) Fragment, wurden unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR-BluntII (Invitrogen) kloniert. Sequenzierungen mit dem Primer SP6 bestätigten jeweils eine zur publizierten Sequenz AF251016 (SEQ ID NO: 38) identische Sequenz abgesehen von den eingeführten Restriktionsstellen. Diese Klone wurden daher für die Herstellung eines Inverted-Repeat Konstrukts in dem Klonierungsvektor pJAI1 (siehe Beispiel 10) verwendet.

[0387] Der erste Klonierungsschritt erfolgte durch Isolierung des 444 Bp PR44-PR45 BamHI-EcoRI Fragmentes aus dem Klonierungsvektor pCR-BluntII (Invitrogen) und Ligierung mit dem BamHI-EcoRI geschnittenen Vektor pJAI1. Der Klon, der 5'terminale Region der Epsilon-Cyclase in der antisense Orientierung enthält, heisst pJAI2. Durch die Ligation entsteht eine transkriptionelle Fusion zwischen dem antisense Fragment der 5'terminale Region der Epsilon-Cyclase und dem Polyadenylierungssignal aus CaMV.

[0388] Der zweite Klonierungsschritt erfolgte durch Isolierung des 443 Bp PR42-PR43 HindIII-Sall Fragmentes aus dem Klonierungsvektor pCR-BluntII (Invitrogen) und Ligierung mit dem HindIII-Sall geschnittenen Vektor pJAI2. Der Klon, der 435 bp 5'terminale Region der Epsilon-Cyclase cDNA in der sense Orientierung enthält, heisst pJAI3. Durch die Ligation entsteht eine transkriptionelle Fusion zwischen dem AP3P und dem sense Fragment der 5'terminale Region der Epsilon-Cyclase.

[0389] Für die Herstellung einer Inverted-Repeat Expressionskassette unter Kontrolle des CHRC-Promoters wurde ein CHRC-Promoterfragment unter Verwendung genomischer DNA aus Petunie (nach Standardmethoden hergestellt) sowie der Primer PRCHRC5 (SEQ ID NO: 76) und PRCHRC3 (SEQ ID NO: 77) amplifiziert. Das Amplifikat wurde in den Klonierungsvektor pCR2.1 (Invitrogen) kloniert. Sequenzierungen des resultierenden Klons pCR2.1-CHRC mit den Primern M13 und T7 bestätigten eine zur Sequenz AF099501 identische Sequenz. Dieser Klon wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor pJAI3 verwendet.

[0390] Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 1537 bp SacI-HindIII Fragments aus pCR2.1-CHRC und

Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor pJAI3. Der Klon, der den Promoter CHRC anstelle des ursprünglichen Promoters AP3P enthält heisst pJCI3.

[0391] Die Herstellung der Expressionsvektoren für die Agrobacteriumvermittelte Transformation der AP3P- bzw. CHRC-kontrollierten Inverted-Repeat Transkripts in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO 02/00900).

[0392] Zur Herstellung des Expressionsvektors pS5AI3 wurde das 2622 bp SacI-XhoI Fragment aus pJAI3 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert (**Abb. 13** Konstruktkarte).

[0393] In der **Abb. 13** beinhaltet Fragment AP3P den modifizierten AP3P Promoter (771 bp), Fragment 5sense die 5'Region der Epsilon-Cyclase aus *Tagetes erecta* (435 bp) in Sense-Orientierung, Fragment intron das Intron PIV2 des Kartoffel-Gens ST-LS1, Fragment 5anti die 5'Region der Epsilon-cyclase aus *Tagetes erecta* (435 bp) in antisense Orientierung, und Fragment term (761 Bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

[0394] Zur Herstellung des Expressionsvektors pS5CI3 wurde das 3394 bp SacI-XhoI Fragment aus pJCI3 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert (**Abb. 14**, Konstruktkarte).

[0395] In der **Abb. 14** beinhaltet Fragment CHRC den Promoter (1537 bp), Fragment 5 sense die 5'Region der Epsilon-Cyclase aus *Tapetes erecta* (435 bp) in Sense-Orientierung, Fragment intron das Intron PIV2 des Kartoffel-Gens ST-LS1, Fragment Santi die 5'Region der Epsilon-Cyclase aus *Tapetes erecta* (435 bp) in Antisense-Orientierung, und Fragment term (761 Bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

### Beispiel 12

Herstellung einer Inverted-Repeat-Expressionskassette für die blütenspezifische Expression von Epsilon-cyclase dSRNAS in *Tagetes erecta* (gerichtet gegen die 3'Region der Epsilon-Cyclase cDNA)

[0396] Die Nukleinsäure, die die 3'terminale Region (384 bp) der Epsilon-Cyclase cDNA (Genbank accession NO: AF251016) enthält wurde mittels polymerase chain reaction (PCR) aus *Tapetes erecta* cDNA unter Verwendung eines sense spezifischen Primers (PR46 SEQ ID NO: 60) und eines antisense spezifischen Primers (PR47 SEQ ID NO: 61) amplifiziert. Die 3'terminale Region (384 bp) der Epsilon-Cyclase cDNA aus *Tapetes erecta* setzt sich zusammen aus 140 bp 3'-Nicht-translatierter Sequenz (3'UTR) und 244 bp der dem C-Terminus entsprechenden kodierenden Region.

[0397] Die Präparation von Total-RNA aus Blüten von *Tapetes* erfolgte wie unter Beispiel 11 beschrieben.

[0398] Die cDNA Synthese erfolgte wie unter Beispiel 11 unter Verwendung des antisense spezifischen Primers PR17 (SEQ ID NO: 53) beschrieben.

[0399] Die Bedingungen der anschließenden PCR-Reaktionen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation des PR46-PR457 DNA-Fragmentes, das die 3'terminale 384 bp Region der Epsilon-Cyclase enthält, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl cDNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 µM PR46 (SEQ ID NO: 60)
- 0.2 µM PR47 (SEQ ID NO: 61)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0400] Die PCR zur Amplifikation des PR48-PR49 DNA-Fragmentes, das die 5'terminale 384 bp Region der Epsilon-Cyclase enthält, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl cDNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 µM PR48 (SEQ ID NO: 62)
- 0.2 µM PR49 (SEQ 2D NO: 63)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0401] Die PCR-Reaktionen wurden unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X	94°C	2 Minuten
35X	94°C	1 Minute
	58°C	1 Minuten
	72°C	1 Minuten
1X	72°C	10 Minuten

[0402] Die PCR-Amplifikation mit SEQ ID NO: 60 und SEQ ID NO: 61 resultierte in einem 392 Bp-Fragment, die PCR-Amplifikation mit SEQ ID NO: 62 und SEQ ID NO: 63 resultierte in einem 396 Bp-Fragment.

[0403] Die beiden Amplifikate, das PR46-PR47 Fragment und das PR48-PR49 Fragment, wurden unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR-BluntII (Invitrogen) kloniert. Sequenzierungen mit dem Primer SP6 bestätigten jeweils eine zur publizierten Sequenz AF251016 (SEQ ID NO: 38) identische Sequenz abgesehen von den eingeführten Restriktionsstellen. Diese Klone wurde daher für die Herstellung eines Inverted-Repeat Konstrukts in dem Klonierungsvektor pJAh1 (siehe Beispiel 10) verwendet.

[0404] Der erste Klonierungsschritt erfolgte durch Isolierung des 396 Bp PR48-PR49 BamHI-EcoRI Fragmentes aus dem Klonierungsvektor pCR-B1untII (Invitrogen) und Ligierung mit dem BamHI-EcoRI geschnittenen Vektor pJA1. Der Klon, der 3'terminale Region der Epsilon-Cyclase in der antisense Orientierung enthält, heisst pJA14. Durch die Ligation entsteht eine transkriptionelle Fusion zwischen dem Antisense-Fragment der 3'terminale Region der Epsilon-Cyclase und dem Polyadenylierungssignal aus CaMV.

[0405] Der zweite Klonierungsschritt erfolgte durch Isolierung des 392 Bp PR46-PR47 HindIII-SalI Fragmentes aus dem Klonierungsvektor pCR-BluntII (Invitrogen) und Ligierung mit dem HindIII-SalI geschnittenen Vektor pJA14. Der Klon, der 392 bp 3'terminale Region der Epsilon-Cyclase cDNA in der sense Orientierung enthält, heisst pJA15. Durch die Ligation entsteht eine transkriptionelle Fusion zwischen dem AP3P und dem Sense-Fragment 3'terminale Region der Epsilon-Cyclase.

[0406] Die Herstellung eines Expressionsvektors für die Agrobacteriumvermittelte Transformation des AP3P-kontrollierten Inverted-Repeat Transkripts in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUNS (WO 02/00900). Zur Herstellung des Expressionsvektors pS5A15 wurde das 2523 bp SacI-XhoI Fragment aus pJA15 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert (Abb. 15, Konstruktkarte).

[0407] In der Abb. 15 beinhaltet Fragment AP3P den modifizierten AP3P Promoter (771 bp), Fragment 3sense die 3'region der Epsilon cyclase aus *Tagetes erecta* (435 bp) in sense Orientierung, Fragment intron das Intron IV2 des Kartoffel-Gens ST-LS1, Fragment 3anti die 3'region der Epsilon cyclase aus *Tagetes erecta* (435 bp) in antisense Orientierung, und Fragment term (761 Bp) das Polyadenylierungssignal von CaMV.

### Beispiel 13

#### Klonierung des Epsilon-Cyclase Promoters

[0408] Ein 199 bp Fragment bzw. das 312 bp Fragment des Epsilon-Cyclase Promoters wurde durch zwei unabhängige Klonierungsstrategien, Inverse PCR (adaptiert Long et al. Proc. Natl. Acad. Sci USA 90: 10370) und TAIL-PCR (Liu Y-G. et al. (1995) Plant J. 8: 457-463) unter Verwendung genomischer DNA (nach Standardmethode aus *Tagetes erecta*, Linie Orangenprinz, isoliert) isoliert.

[0409] Für den Inverse PCR-Ansatz wurden 2 µg genomische DNA in einem 25 µl Reaktionsansatz mit EcoRV und RsaI verdaut, anschließend auf 300 µl verdünnt und über Nacht bei 16°C mit 3U Ligase religiert. Unter Verwendung der Primer PR50 (SEQ ID NO: 64) und PR51 (SEQ ID NO: 65) wurde durch PCR Amplifikation ein Fragment hergestellt, das, jeweils in Sense-Orientierung, 354 bp der Epsilon-Cyclase cDNA (Genbank Accession AF251016), ligiert an 300 bp des Epsilon-Cyclase Promoters sowie 70 bp des 5'terminalen Bereichs der cDNA Epsilon-Cyclase enthält (siehe Abb. 16).

[0410] Die Bedingungen der PCR-Reaktionen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation des PR50-PR51 DNA-Fragmentes, das unter anderem das 312 bp Promoterfragment der Epsilon-Cyclase enthält, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl Ligationsansatz (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTP<sub>s</sub>
- 0.2 µM PR50 (SEQ ID NO: 64)
- 0.2 µM PR51 (SEQ ID NO: 65)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0411] Die PCR-Reaktionen wurden unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X	94°C	2 Minuten
35X	94°C	1 Minute
	53°C	1 Minute
	72°C	1 Minute
1X	72°C	10 Minuten

[0412] Die PCR-Amplifikation mit Primer PR50 und PR51 resultierte in einem 734 Bp-Fragment, das unter anderem das 312 bp Promoterfragment der Epsilon-Cyclase enthält (**Abb. 16**).

[0413] Das Amplifikat, wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR2.1 (Invitrogen) kloniert. Sequenzierungen mit den Primern M13 und T7 ergaben die Sequenz SEQ ID NO: 45. Diese Sequenz wurde in einem unabhängigen Amplifikationsexperiment reproduziert und repräsentiert somit die Nukleotidsequenz in der verwendeten *Tagetes erecta* Linie Orangenprinz.

[0414] Für den TAIL-PCR Ansatz wurden drei sukzessive PCR-Reaktionen mit jeweils unterschiedlichen gen-spezifischen Primern (nested primers) durchgeführt.

[0415] Die TAIL1-PCR erfolgte in einem 20 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 ng genomische DNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.2 mM jedes dNTPs
- 0.2 µM PR60 (SEQ ID NO: 66)
- 0.2 µM AD1 (SEQ ID NO: 69)
- 2 µL 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.5 U R Taq Polymerase (TAKARA)
- mit Aq. Dest. auf 20 µl aufgefüllt
- AD1 stellte dabei zunächst eine Mischung aus Primern der Sequenzen (a/c/g/t)tcga(g/c)t(a/t)t(g/c)g(a/t)ggt dar.

[0416] Die PCR-Reaktion TAIL1 wurden unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X	93°C: 1 Minute, 95°C: 1 Minute
5X	94°C: 30 Sekunden, 62°C: 1 Minute, 72°C: 2.5 Minuten
1X	94°C: 30 Sekunden, 25°C: 3 Minuten, ramp to 72°C in 3 Minuten, 72°C: 2.5 Minuten
15X	94°C: 10 Sekunden, 68°C: 1 Minute, 72°C: 2.5 Minuten;

94°C: 10 Sekunden, 68°C: 1 Minute, 72°C: 2.5 Minuten;

94°C: 10 Sekunden, 29°C: 1 Minute, 72°C: 2.5 Minuten

1X 72°C: 5 Minuten

[0417] Die TAIL2-PCR erfolgte in einem 21 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl einer 1:50 Verdünnung des TAIL1-Reaktionsansatzes (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.8 mM dNTP
- 0.2 µM PR61 (SEQ ID NO: 67)
- 0.2 µM AD1 (SEQ ID NO: 69)
- 2 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.5 U R Taq Polymerase (TAKARA)
- mit Aq. Dest. auf 21 µl aufgefüllt

[0418] Die PCR-Reaktion TAIL2 wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

12X	94°C: 10 Sekunden, 64°C: 1 Minute, 72°C: 2.5 Minuten;
	94°C: 10 Sekunden, 64°C: 1 Minute, 72°C: 2.5 Minuten;
	94°C: 10 Sekunden, 29°C: 1 Minute, 72°C: 2.5 Minuten
1X	72°C: 5 Minuten

[0419] Die TAIL3-PCR erfolgte in einem 100 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl einer 1:10 Verdünnung des TAIL2-Reaktionsansatzes (hergestellt wie oben beschrieben)



- 0.8 mM dNTP
- 0.2 µM PR63 (SEQ ID NO: 68)
- 0.2 µM AD1 (SEQ ID NO: 69)
- 10 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.5 U R Taq Polymerase (TAKARA)
- mit Aq. Dest. auf 100 µl aufgefüllt

[0420] Die PCR-Reaktion TAIL3 wurde unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

**20X 94°C: 15 Sekunden, 29°C: 30 Sekunden, 72°C: 2 Minuten**  
**1X 72°C: 5 Minuten**

[0421] Die PCR-Amplifikation mit Primer PR63 und AD1 resultierte in einem 280 Bp-Fragment, das unter anderem das 199 by Promoterfragment der Epsilon-Cyclase enthält (**Abb. 17**).

[0422] Das Amplifikat, wurde unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR2.1 (Invitrogen) kloniert. Sequenzierungen mit den Primern M13 und T7 ergaben die Sequenz SEQ ID NO: 46. Diese Sequenz ist identisch mit der Sequenz SEQ ID NO: 45, die mit der IPCR Strategie isoliert wurde und repräsentiert somit die Nukleotidsequenz in der verwendeten *Tagetes erecta* Linie Orangenprinz.

[0423] Der pCR2.1-Klon, der das 312 bp Fragment (SEQ ID NO: 45) des Epsilon-Cyclase Promoters, das durch die IPCR-Strategie isoliert wurde, enthält, heisst pTA-ecycP und wurde für die Herstellung der IR Konstrukte verwendet.

#### Beispiel 14

Herstellung einer Inverted-Repeat-Expressionskassette für die blütenspezifische Expression von Epsilon-cyclase dsRNAs in *Tagetes erecta* (gerichtet gegen die Promoterregion der Epsilon-Cyclase cDNA).

[0424] Die Expression von Inverted-Repeat Transkripten bestehend aus Promoterfragmenten der Epsilon-cyclase in *Tagetes erecta* erfolgte unter Kontrolle einer modifizierten Version AP3P des blütenspezifischen Promoters AP3 aus *Arabidopsis* (siehe Beispiel 10) oder des blütenspezifischen Promoters CHRC (Genbank accession NO: AF099501). Das Inverted-Repeat Transkript enthält jeweils ein Epsilon-Cyclase-Promoterfragment in korrekter Orientierung (Sense-Fragment) und ein sequenzidentisches Epsilon-Cyclase-Promoterfragment in entgegengesetzter Orientierung (Antisense-Fragment), die durch ein funktionelles Intron (siehe Beispiel 10) mit einander verbunden sind.

[0425] Die Promoterfragmente wurde mittels PCR unter Verwendung von Plasmid-DNA (Klon pTA-ecycP, siehe Beispiel 13 ) und der Primer PR124 (SEQ ID NO: 70) und PR126 (SEQ ID NO: 72) bzw. der Primer PR125 (SEQ ID NO: 71) und PR127 (SEQ ID NO: 73) hergestellt.

[0426] Die Bedingungen der PCR-Reaktionen waren die folgenden:

Die PCR zur Amplifikation des PR124-PR126 DNA-Fragmentes, das das Promoterfragment der Epsilon-Cyclase enthält, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl cDNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 µM PR124 (SEQ ID NO: 70)
- 0.2 µM PR126 (SEQ ID NO: 72)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0427] Die PCR zur Amplifikation des PR125-PR127 DNA-Fragmentes, das das 312bp Promoterfragment der Epsilon-Cyclase enthält, erfolgte in einem 50 µl Reaktionsansatz, in dem enthalten war:

- 1 µl cDNA (hergestellt wie oben beschrieben)
- 0.25 mM dNTPs
- 0.2 µM PR125 (SEQ ID NO: 71)
- 0.2 µM PR127 (SEQ ID NO: 73)
- 5 µl 10X PCR-Puffer (TAKARA)
- 0.25 µl R Taq Polymerase (TAKARA)
- 28.8 µl Aq. Dest.

[0428] Die PCR-Reaktionen wurden unter folgenden Zyklusbedingungen durchgeführt:

1X	94°C	2 Minuten
35X	94°C	1 Minute
	53°C	1 Minuten
	72°C	1 Minuten
1X	72°C	10 Minuten

[0429] Die PCR-Amplifikation mit Primer PR124 und PR126 resultierte in einem 358 Bp-Fragment, die PCR-Amplifikation mit Primer PR125 und PR127 resultierte in einem 361 Bp-Fragment.

[0430] Die beiden Amplifikate, das PR124-PR126 (HindIII-Sall sense) Fragment und das PR125-PR127 (EcoRI-BamHI antisense) Fragment, wurden unter Verwendung von Standardmethoden in den PCR-Klonierungsvektor pCR-BluntII (Invitrogen) kloniert. Sequenzierungen mit dem Primer SP6 bestätigten jeweils eine Sequenz, die abgesehen von den eingeführten Restriktionsstellen identisch ist zu SEQ ID NO: 45. Diese Klone wurden daher für die Herstellung eines Inverted-Repeat Konstrukts in dem Klonierungsvektor pJA11 (siehe Beispiel 10) verwendet.

[0431] Der erste Klonierungsschritt erfolgte durch Isolierung des 358 Bp PR124-PR126 HindIII-Sall Fragmentes aus dem Klonierungsvektor pCR-BluntII (Invitrogen) und Ligierung mit dem BamHI-EcoRI geschnittenen Vektor pJA11. Der Klon, das Epsilon-Cyclase Promoterfragment in der sense Orientierung enthält, heisst cs43. Durch die Ligation wird das Sense-Fragment des Epsilon-Cyclase Promoters zwischen den AP3P Promoter und das Intron eingefügt.

[0432] Der zweite Klonierungsschritt erfolgte durch Isolierung des 361Bp PR125-PR127 BamHI-EcoRI Fragmentes aus dem Klonierungsvektor pCR-BluntII (Invitrogen) und Ligierung mit BamHI-EcoRI geschnittenen Vektor cs43. Der Klon, der das Epsilon-Cyclase Promoterfragment in der antisense Orientierung enthält, heisst cs44. Durch die Ligation entsteht eine transkriptionelle Fusion zwischen dem Intron und dem Antisense-Fragment des Epsilon-Cyclase Promoters.

[0433] Für die Herstellung einer Inverted-Repeat Expressionskassette unter Kontrolle des CHRC-Promoters wurde ein CHRC-Promoterfragment unter Verwendung genomischer DNA aus Petunie (nach Standardmethoden hergestellt) sowie der Primer PRCHRC3' (SEQ ID NO: 77) und PRCHRC5' (SEQ ID NO: 76) amplifiziert. Das Amplifikat wurde in den Klonierungsvektor pCR2.1 (Invitrogen) kloniert. Sequenzierungen des resultierenden Klons pCR2.1-CHRC mit den Primern M13 und T7 bestätigten eine zur Sequenz AF099501 identische Sequenz. Dieser Klon wurde daher für die Klonierung in den Expressionsvektor cs44 verwendet.

[0434] Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 1537 bp SacI-HindIII Fragments aus pCR2.1-CHRC und Ligierung in den SacI-HindIII geschnittenen Vektor cs44. Der Klon, der den Promoter CHRC anstelle des ursprünglichen Promoters AP3P enthält heisst cs45.

[0435] Für die Herstellung einer Inverted-Repeat Expressionskassette unter Kontrolle zweier Promotoren, des CHRC-Promoter und des AP3P-Promoters, wurde der AP3P-Promoter in antisense Orientierung an den 3'Terminus des Epsilon-Cyclase antisense Fragmentes in cs45 kloniert. Das AP3P-Promoterfragments aus pJA11 wurde unter Verwendung der Primer PR128 und PR129 amplifiziert. Das Amplifikat wurde in den Klonierungsvektor pCR2.1 (Invitrogen) kloniert. Die Sequenzierung mit den Primern M13 und T7 bestätigten eine zur Sequenz SEQ ID NO: 28 (AL132971) identische Sequenz. Dieser Klon pCR2.1-AP3PSX wurde für Herstellung einer Inverted-Repeat Expressionskassette unter Kontrolle zweier Promotoren verwendet.

[0436] Die Klonierung erfolgte durch Isolierung des 771 by Sall-XhoI Fragments aus pCR2.1-AP3PSX und Ligierung in den XhoI geschnittenen Vektor cs45. Der Klon, der 3'seitig des Inverted Repeats, den Promoter AP3P in antisense Orientierung enthält heisst cs46.

[0437] Die Herstellung der Expressionsvektoren für die Agrobacteriumvermittelte Transformation des AP3P-kontrollierten Inverted-Repeat Transkripts in *Tagetes erecta* erfolgte unter der Verwendung des binären Vektors pSUN5 (WO 02/00900).

[0438] Zur Herstellung des Expressionsvektors pS5AI7 wurde das 1685 bp SacI-XhoI Fragment aus cs44 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUNS ligiert (**Abb. 18**, Konstruktkarte). In der **Abb. 18** beinhaltet Fragment AP3P den modifizierten AP3P Promoter (771 bp), Fragment P-sense das 312 bp Promoterfragment der Epsilon-Cyclase in sense Orientierung, Fragment intron das Intron IV2 des Kartoffel-Gens ST-LS1), und Fragment P-anti das 312 bp Promoterfragment der Epsilon-Cyclase in antisense Orientierung.

[0439] Zur Herstellung des Expressionsvektors pS5CI7 wurde das 2445 bp SacI-XhoI Fragment aus cs45 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUNS ligiert (**Abb. 19**, Konstruktkarte).

[0440] In der **Abb. 19** beinhaltet Fragment CHRC den CHRC-Promoter (1537 bp), Fragment P-sense das 312 bp Promoterfragment der Epsilon-Cyclase in sense Orientierung, Fragment Intron das Intron IV2 des Kartoffel-Gens ST-LSI), und Fragment P-anti das 312 bp Promoterfragment der Epsilon-Cyclase in antisense Orientierung.

[0441] Zur Herstellung des Expressionsvektors pS5CAI7 wurde das 3219 bp SacI-XhoI Fragment aus cs46 mit dem SacI-XhoI geschnittenen Vektor pSUN5 ligiert (**Abb. 20**, Konstruktkarte)

[0442] In der Abb. 20 beinhaltet Fragment CHRC den CHRC-Promoter (1537 bp), Fragment P-sense das 312 bp Promoterfragment der Epsilon-Cyclase in sense Orientierung, Fragment intron das Intron IV2 des Kartoffel-Gens ST-LS1), Fragment P-anti das 312 bp Promoterfragment der Epsilon-Cyclase in antisense Orientierung und das Fragment AP3P das 771 bp AP3P-Promoterfragment in antisense Orientierung.

#### Beispiel 15

#### Herstellung transgener Tagetes Pflanzen mit reduzierter $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität

[0443] Tagetessamen werden sterilisiert und auf Keimungsmedium (MS-Medium; Murashige and Skoog, *Physiol. Plant.* 15(1962), 473–497) pH 5,8, 2% Saccharose) aufgelegt. Die Keimung erfolgt in einem Temperatur/Licht/Zeitintervall von 18 bis 28°C / 20 bis 200  $\mu$ E/ 3 bis 16 Wochen, bevorzugt jedoch bei 21°C, 20 bis 70  $\mu$ E, für 4 bis 8 Wochen.

[0444] Alle Blätter der sich bis dahin entwickelten in vitro Pflanzen werden geerntet und quer zur Mittelrippe geschnitten. Die dadurch entstehenden Blattexplantate mit einer Größe von 10 bis 60 mm<sup>2</sup> werden im Verlaufe der Präparation in flüssigem MS-Medium bei Raumtemperatur für maximal 2 h aufbewahrt.

[0445] Der Agrobakterium tumefaciens Stamm EHA105 wurde mit dem Binärplasmid pS5A13 transformiert. Die Anzucht des transformierten A. tumefaciens Stammes EHA105 erfolgte über Nacht unter folgenden Bedingungen: Eine Einzelkolonie wurde in YEB (0,1 % Hefeextrakt, 0,5 % Rindfleischextrakt, 0,5 % Pepton, 0,5 % Saccharose, 0,5 % Magnesiumsulfat  $\times$  7 H<sub>2</sub>O) mit 25 mg/l Kanamycin angeimpft und bei 28°C für 16 bis 20 h angezogen. Anschließend wurde die Bakteriensuspension durch Zentrifugation bei 6000 g für 10 min geerntet und derart in flüssigem MS Medium resuspendiert, das eine ODS<sub>00</sub> von ca. 0,1 bis 0,8 entstand. Diese Suspension wurde für die Co-Kultivierung mit dem Blattmaterial verwendet.

[0446] Unmittelbar vor der Co-Kultivierung wird das MS-Medium, in dem die Blätter aufbewahrt worden sind, durch die Bakteriensuspension ersetzt. Die Inkubation der Blättchen in der Agrobakteriensuspension erfolgte für 30 min unter leichtem Schütteln bei Raumtemperatur. Anschließend werden die infizierten Explantate auf ein mit Agar (z.B. 0,8 % Plant Agar (Duchefa, NL) verfestigtes MS-Medium mit Wachstumsregulatoren, wie beispielsweise 3 mg/l Benzylaminopurin (BAP) sowie 1 mg/l Indolylessigsäure (IAA) aufgelegt. Die Orientierung der Blätter auf dem Medium ist bedeutungslos. Die Kultivierung der Explantate findet für 1 bis 8 Tage, bevorzugt aber für 6 Tage statt, dabei können folgende Bedingungen angewendet werden: Lichtintensität: 30 bis 80  $\mu$ Mol/m<sup>2</sup>  $\times$  sec, Temperatur: 22 bis 24°C, hell/dunkel Wechsel von 16/8 Stunden. Anschließend werden die co-kultivierten Explantate auf frisches MS-Medium, bevorzugt mit den gleichen Wachstumsregulatoren übertragen, wobei dieses zweite Medium zusätzlich ein Antibiotikum zur Unterdrückung des Bakterienwachstums enthält. Timentin in einer Konzentration von 200 bis 500 mg/l ist für diesen Zweck sehr geeignet. Als zweite selektive Komponente wird eine für die Selektion des Transformationserfolges eingesetzt. Phosphinothricin in einer Konzentration von 1 bis 5 mg/l selektiert sehr effizient, aber auch andere selektive Komponenten gemäß des zu verwendenden Verfahrens sind denkbar.

[0447] Nach jeweils ein bis drei Wochen erfolgt der Transfer der Explantate auf frisches Medium bis sich Sprossknospen und kleine Sprosse entwickeln, die dann auf das gleiche Basalmedium einschließlich Timentin und PPT oder alternative Komponenten mit Wachstumsregulatoren, nämlich z.B. 0,5 mg/l Indolylbuttersäure (IBA) und 0,5 mg/l Gibberellinsäure GA<sub>3</sub>, zur Bewurzelung übertragen werden. Bewurzelte Sprosse können ins Gewächshaus überführt werden.

[0448] Zusätzlich zu der beschriebenen Methode sind folgende vorteilhafte Modifikationen möglich:

- Bevor die Explantate mit den Bakterien infiziert werden, können sie für 1 bis 12 Tage, bevorzugt 3 bis 4, auf das oben beschriebene Medium für die Co-Kultur vorinkubiert werden. Anschließend erfolgt die Infektion, Co-Kultur und selektive Regeneration wie oben beschrieben.
- Der pH Wert für die Regeneration (normalerweise 5,8) kann auf pH 5,2 gesenkt werden. Dadurch wird die Kontrolle des Agrobakterienwachstums verbessert.
- Die Zugabe von AgNO<sub>3</sub> (3–10 mg/l) zum Regenerationsmedium verbessert den Zustand der Kultur einschließlich der Regeneration selbst.
- Komponenten, die die Phenolbildung reduzieren und dem Fachmann bekannt sind, wie z.B. Zitronensäure, Ascorbinsäure, PVP u.v.a.m., wirken sich positiv auf die Kultur aus.
- Für das gesamte Verfahren kann auch flüssiges Kulturmedium Verwendung finden. Die Kultur kann auch auf handelsüblichen Trägern, die auf dem flüssigen Medium positioniert werden inkubiert werden.

[0449] Gemäß der oben beschriebenen Transformationsmethode wurden mit dem Expressionskonstrukt pS5A13 folgende Linien erhalten: CS30-1, CS30-3 und CS30-4

## Beispiel 16:

Charakterisierung der transgenen Tagetes Pflanzen mit reduzierter  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität

[0450] Das Blütenmaterial der transgenen Tagetes erecta Pflanzen aus Beispiel 15 wurde in flüssigem Stickstoff gemörsert und das Pulver (etwa 250 bis 500 mg) mit 100 % Aceton extrahiert (dreimal je 500  $\mu$ l). Das Lösungsmittel wurde evaporiert und die Carotinoide in 100  $\mu$ l Aceton resuspendiert.

[0451] Mittels einer C30-reverse phase-Säule konnten die individuellen Carotinoide quantifiziert werden. Die HPLC-Laufbedingungen waren nahezu identisch mit einer publizierten Methode (Frazer et al. (2000), Plant Journal 24(4): 551–558). Eine Identifizierung der Carotinoide war aufgrund der UV-VIS-Spektren möglich.

[0452] Tabelle 2 zeigt das Carotinoidprofil in Tagetespetalen der gemäß der vorstehend beschriebenen Beispiele hergestellten transgenen Tagetes- und Kontrolltagetespflanzen. Alle Carotinoidmengen sind in  $\mu$ g/g Frischgewicht angegeben, prozentuale Veränderungen gegenüber der Kontrollpflanze sind in Klammern angegeben.

[0453] Im Vergleich zur genetisch nicht veränderten Kontrollpflanze, weisen die genetisch veränderten Pflanzen mit reduzierter epsilon-Cyclase-Aktivität einen deutlich erhöhten Gehalt an Carotinoiden des "β-Carotin-Weges", wie beispielsweise β-Carotin und Zeaxanthin und einen deutlich reduzierten Gehalt an Carotinoiden des "α-Carotin-Weges", wie beispielsweise Lutein auf.

Tabelle 2

Pflanze	Lutein	β-Carotin	Zeaxanthin	Violaxanthin	Gesamt-Carotinoide
Kontrolle	260	4,8	2,7	36	304
CS 30-1	35 (–86%)	13 (+170%)	4,4 (+62%)	59 (+63%)	111 (–63%)
Kontrolle	456	6,4	6,9	58	527
CS 30-3	62 (–86%)	13 (+103%)	8,9 (+29%)	75 (+29%)	159 (–70%)
CS 30-4	68 (–85%)	9,1 (+42%)	5,7 (–17%)	61 (+5%)	144 (–73%)

## SEQUENCE LISTING

&lt;110&gt; SunGene GmbH Co. KGaA

&lt;120&gt; Verfahren zur Herstellung von Astaxanthin in Blueten von Pflanzen

&lt;130&gt; NAE 258/02

&lt;160&gt; 80

&lt;170&gt; PatentIn version 3.1

&lt;210&gt; 1

&lt;211&gt; 1771

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Haematococcus pluvialis

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (166)..(1155)

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 1

ggcacgagct tgcacgcaag tcagcgcgcg caagtcaaca cctgccggtc cacagcctca 60

aataataaag agctcaagcg tttgtgcgcc tcgacgtggc cagtctgcac tgccttgaac 120

ccgcgagtct cccgccgcac tgactgccat agcacagcta gacga atg cag cta gca 177  
Met Gln Leu Ala  
1gcg aca gta atg ttg gag cag ctt acc gga agc gct gag gca ctc aag 225  
Ala Thr Val Met Leu Glu Gln Leu Thr Gly Ser Ala Glu Ala Leu Lys  
5 10 15 20gag aag gag aag gag gtt gca ggc agc tct gac gtg ttg cgt aca tgg 273  
Glu Lys Glu Lys Glu Val Ala Gly Ser Ser Asp Val Leu Arg Thr Trp  
25 30 35gcg acc cag tac tcg ctt ccg tca gaa gag tca gac gcg gcc cgc ccg 321  
Ala Thr Gln Tyr Ser Leu Pro Ser Glu Glu Ser Asp Ala Ala Arg Pro  
40 45 50gga ctg aag aat gcc tac aag cca cca cct tcc gac aca aag ggc atc 369  
Gly Leu Lys Asn Ala Tyr Lys Pro Pro Pro Ser Asp Thr Lys Gly Ile  
55 60 65aca atg gcg cta cgt gtc atc ggc tcc tgg gcc gca gtg ttc ctc cac 417  
Thr Met Ala Leu Arg Val Ile Gly Ser Trp Ala Ala Val Phe Leu His  
70 75 80gcc att ttt caa atc aag ctt ccg acc tcc ttg gac cag ctg cac tgg 465  
Ala Ile Phe Gln Ile Lys Leu Pro Thr Ser Leu Asp Gln Leu His Trp  
85 90 95 100

ctg ccc gtg tca gat gcc aca gct cag ctg gtt agc ggc acg agc agc 513

Leu	Pro	Val	Ser	Asp	Ala	Thr	Ala	Gln	Leu	Val	Ser	Gly	Thr	Ser	Ser		
				105					110					115			
ctg	ctc	gac	atc	gtc	gta	gta	ttc	ttt	gtc	ctg	gag	ttc	ctg	tac	aca		561
Leu	Leu	Asp	Ile	Val	Val	Val	Phe	Phe	Val	Leu	Glu	Phe	Leu	Tyr	Thr		
			120					125					130				
ggc	ctt	ttt	atc	acc	acg	cat	gat	gct	atg	cat	ggc	acc	atc	gcc	atg		609
Gly	Leu	Phe	Ile	Thr	Thr	His	Asp	Ala	Met	His	Gly	Thr	Ile	Ala	Met		
		135					140					145					
aga	aac	agg	cag	ctt	aat	gac	ttc	ttg	ggc	aga	gta	tgc	atc	tcc	ttg		657
Arg	Asn	Arg	Gln	Leu	Asn	Asp	Phe	Leu	Gly	Arg	Val	Cys	Ile	Ser	Leu		
	150					155					160						
tac	gcc	tgg	ttt	gat	tac	aac	atg	ctg	cac	cgc	aag	cat	tgg	gag	cac		705
Tyr	Ala	Trp	Phe	Asp	Tyr	Asn	Met	Leu	His	Arg	Lys	His	Trp	Glu	His		
165					170					175					180		
cac	aac	cac	act	ggc	gag	gtg	ggc	aag	gac	cct	gac	ttc	cac	agg	gga		753
His	Asn	His	Thr	Gly	Glu	Val	Gly	Lys	Asp	Pro	Asp	Phe	His	Arg	Gly		
			185					190						195			
aac	cct	ggc	att	gtg	ccc	tgg	ttt	gcc	agc	ttc	atg	tcc	agc	tac	atg		801
Asn	Pro	Gly	Ile	Val	Pro	Trp	Phe	Ala	Ser	Phe	Met	Ser	Ser	Tyr	Met		
		200						205					210				
tcg	atg	tgg	cag	ttt	gcg	cgc	ctc	gca	tgg	tgg	acg	gtg	gtc	atg	cag		849
Ser	Met	Trp	Gln	Phe	Ala	Arg	Leu	Ala	Trp	Trp	Thr	Val	Val	Met	Gln		
		215					220					225					
ctg	ctg	ggt	gcg	cca	atg	gcg	aac	ctg	ctg	gtg	ttc	atg	gcg	gcc	gcg		897
Leu	Leu	Gly	Ala	Pro	Met	Ala	Asn	Leu	Leu	Val	Phe	Met	Ala	Ala	Ala		
	230					235					240						
ccc	atc	ctg	tcc	gcc	ttc	cgc	ttg	ttc	tac	ttt	ggc	acg	tac	atg	ccc		945
Pro	Ile	Leu	Ser	Ala	Phe	Arg	Leu	Phe	Tyr	Phe	Gly	Thr	Tyr	Met	Pro		
245					250					255					260		
cac	aag	cct	gag	cct	ggc	gcc	gcg	tca	ggc	tct	tca	cca	gcc	gtc	atg		993
His	Lys	Pro	Glu	Pro	Gly	Ala	Ala	Ser	Gly	Ser	Ser	Pro	Ala	Val	Met		
			265					270					275				
aac	tgg	tgg	aag	tcg	cgc	act	agc	cag	gcg	tcc	gac	ctg	gtc	agc	ttt		1041
Asn	Trp	Trp	Lys	Ser	Arg	Thr	Ser	Gln	Ala	Ser	Asp	Leu	Val	Ser	Phe		
			280					285					290				
ctg	acc	tgc	tac	cac	ttc	gac	ctg	cac	tgg	gag	cac	cac	cgc	tgg	ccc		1089
Leu	Thr	Cys	Tyr	His	Phe	Asp	Leu	His	Trp	Glu	His	His	Arg	Trp	Pro		
		295					300					305					
ttc	gcc	ccc	tgg	tgg	gag	ctg	ccc	aac	tgc	cgc	cgc	ctg	tct	ggc	cga		1137
Phe	Ala	Pro	Trp	Trp	Glu	Leu	Pro	Asn	Cys	Arg	Arg	Leu	Ser	Gly	Arg		
	310					315					320						
ggt	ctg	gtt	cct	gcc	tag	ctggacacac	tgca	gtggggc	cctg	ctgcca							1185
Gly	Leu	Val	Pro	Ala													

325

```

gctgggcatg caggttgtgg caggactggg tgaggtgaaa agctgcaggc gctgctgccg 1245
gacacgctgc atgggctacc ctgtgtagct gccgccacta ggggaggggg tttgtagctg 1305
tcgagcttgc cccatggatg aagctgtgta gtggtgcagg gagtacaccc acaggccaac 1365
acccttgcag gagatgtctt gcgtcgggag gagtggtggg cagtgtagat gctatgattg 1425
tatcttaatg ctgaagcctt taggggagcg acacttagtg ctgggcaggc aacgccctgc 1485
aaggtgcagg cacaagctag gctggacgag gactcggtgg caggcaggtg aagaggtgcg 1545
ggaggggtgg gccacacca ctgggcaaga ccatgctgca atgctggcgg tgtggcagtg 1605
agagctgcgt gattaactgg gctatggatt gtttgagcag tctcacttat tctttgatat 1665
agatactggt caggcaggtc aggagagtga gtatgaacaa gttgagaggt ggtgcgctgc 1725
ccctgcgctt atgaagctgt aacaataaag tggttcaaaa aaaaaa 1771

```

```

<210> 2
<211> 329
<212> PRT
<213> Haematococcus pluvialis

```

```

<400> 2

```

```

Met Gln Leu Ala Ala Thr Val Met Leu Glu Gln Leu Thr Gly Ser Ala
1          5          10          15

```

```

Glu Ala Leu Lys Glu Lys Glu Lys Glu Val Ala Gly Ser Ser Asp Val
20          25          30

```

```

Leu Arg Thr Trp Ala Thr Gln Tyr Ser Leu Pro Ser Glu Glu Ser Asp
35          40          45

```

```

Ala Ala Arg Pro Gly Leu Lys Asn Ala Tyr Lys Pro Pro Pro Ser Asp
50          55          60

```

```

Thr Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Arg Val Ile Gly Ser Trp Ala Ala
65          70          75          80

```

```

Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile Lys Leu Pro Thr Ser Leu Asp
85          90          95

```

```

Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Asp Ala Thr Ala Gln Leu Val Ser
100          105          110

```



Gly Thr Ser Ser Leu Leu Asp Ile Val Val Val Phe Phe Val Leu Glu  
 115 120 125

Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Thr His Asp Ala Met His Gly  
 130 135 140

Thr Ile Ala Met Arg Asn Arg Gln Leu Asn Asp Phe Leu Gly Arg Val  
 145 150 155 160

Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp Tyr Asn Met Leu His Arg Lys  
 165 170 175

His Trp Glu His His Asn His Thr Gly Glu Val Gly Lys Asp Pro Asp  
 180 185 190

Phe His Arg Gly Asn Pro Gly Ile Val Pro Trp Phe Ala Ser Phe Met  
 195 200 205

Ser Ser Tyr Met Ser Met Trp Gln Phe Ala Arg Leu Ala Trp Trp Thr  
 210 215 220

Val Val Met Gln Leu Leu Gly Ala Pro Met Ala Asn Leu Leu Val Phe  
 225 230 235 240

Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala Phe Arg Leu Phe Tyr Phe Gly  
 245 250 255

Thr Tyr Met Pro His Lys Pro Glu Pro Gly Ala Ala Ser Gly Ser Ser  
 260 265 270

Pro Ala Val Met Asn Trp Trp Lys Ser Arg Thr Ser Gln Ala Ser Asp  
 275 280 285

Leu Val Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp Leu His Trp Glu His  
 290 295 300

His Arg Trp Pro Phe Ala Pro Trp Trp Glu Leu Pro Asn Cys Arg Arg  
 305 310 315 320

Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val Pro Ala  
 325

<210> 3  
 <211> 1662  
 <212> DNA  
 <213> Haematococcus pluvialis

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (168) .. (1130)  
 <223>

<400> 3  
 cggggcaact caagaaattc aacagctgca agcgcgcccc agcctcacag cgccaagtga 60  
 gctatcgacg tggttgtgag cgctcgacgt ggtccactga cgggcctgtg agcctctgcg 120  
 ctccgtcctc tgccaaatct cgcgtcgggg cctgcctaag tcgaaga atg cac gtc 176  
 Met His Val  
 1  
 gca tcg gca cta atg gtc gag cag aaa ggc agt gag gca gct gct tcc 224  
 Ala Ser Ala Leu Met Val Glu Gln Lys Gly Ser Glu Ala Ala Ala Ser  
 5 10 15  
 agc cca gac gtc ttg aga gcg tgg gcg aca cag tat cac atg cca tcc 272  
 Ser Pro Asp Val Leu Arg Ala Trp Ala Thr Gln Tyr His Met Pro Ser  
 20 25 30 35  
 gag tcg tca gac gca gct cgt cct gcg cta aag cac gcc tac aaa cct 320  
 Glu Ser Ser Asp Ala Ala Arg Pro Ala Leu Lys His Ala Tyr Lys Pro  
 40 45 50  
 cca gca tct gac gcc aag ggc atc acg atg gcg ctg acc atc att ggc 368  
 Pro Ala Ser Asp Ala Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Thr Ile Ile Gly  
 55 60 65  
 acc tgg acc gca gtg ttt tta cac gca ata ttt caa atc agg cta ccg 416  
 Thr Trp Thr Ala Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile Arg Leu Pro  
 70 75 80  
 aca tcc atg gac cag ctt cac tgg ttg cct gtg tcc gaa gcc aca gcc 464  
 Thr Ser Met Asp Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Glu Ala Thr Ala  
 85 90 95  
 cag ctt ttg ggc gga agc agc agc cta ctg cac atc gct gca gtc ttc 512  
 Gln Leu Leu Gly Gly Ser Ser Ser Leu Leu His Ile Ala Ala Val Phe  
 100 105 110 115  
 att gta ctt gag ttc ctg tac act ggt cta ttc atc acc aca cat gac 560  
 Ile Val Leu Glu Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Thr His Asp  
 120 125 130  
 gca atg cat ggc acc ata gct ttg agg cac agg cag ctc aat gat ctc 608  
 Ala Met His Gly Thr Ile Ala Leu Arg His Arg Gln Leu Asn Asp Leu  
 135 140 145  
 ctt ggc aac atc tgc ata tca ctg tac gcc tgg ttt gac tac agc atg 656

Leu Gly Asn Ile Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp Tyr Ser Met	
150 155 160	
ctg cat cgc aag cac tgg gag cac cac aac cat act ggc gaa gtg ggg	704
Leu His Arg Lys His Trp Glu His His Asn His Thr Gly Glu Val Gly	
165 170 175	
aaa gac cct gac ttc cac aag gga aat ccc ggc ctt gtc ccc tgg ttc	752
Lys Asp Pro Asp Phe His Lys Gly Asn Pro Gly Leu Val Pro Trp Phe	
180 185 190 195	
gcc agc ttc atg tcc agc tac atg tcc ctg tgg cag ttt gcc cgg ctg	800
Ala Ser Phe Met Ser Ser Tyr Met Ser Leu Trp Gln Phe Ala Arg Leu	
200 205 210	
gca tgg tgg gca gtg gtg atg caa atg ctg ggg gcg ccc atg gca aat	848
Ala Trp Trp Ala Val Val Met Gln Met Leu Gly Ala Pro Met Ala Asn	
215 220 225	
ctc cta gtc ttc atg gct gca gcc cca atc ttg tca gca ttc cgc ctc	896
Leu Leu Val Phe Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala Phe Arg Leu	
230 235 240	
ttc tac ttc ggc act tac ctg cca cac aag cct gag ccaggc cct gca	944
Phe Tyr Phe Gly Thr Tyr Leu Pro His Lys Pro Glu Pro Gly Pro Ala	
245 250 255	
gca ggc tct cag gtg atg gcc tgg ttc agg gcc aag aca agt gag gca	992
Ala Gly Ser Gln Val Met Ala Trp Phe Arg Ala Lys Thr Ser Glu Ala	
260 265 270 275	
tct gat gtg atg agt ttc ctg aca tgc tac cac ttt gac ctg cac tgg	1040
Ser Asp Val Met Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp Leu His Trp	
280 285 290	
gag cac cac agg tgg ccc ttt gcc ccc tgg tgg cag ctg ccc cac tgc	1088
Glu His His Arg Trp Pro Phe Ala Pro Trp Trp Gln Leu Pro His Cys	
295 300 305	
cgc cgc ctg tcc ggg cgt ggc ctg gtg cct gcc ttg gca tga	1130
Arg Arg Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val Pro Ala Leu Ala	
310 315 320	
cctgggtccct ccgctggtga cccagcgtct gcacaagagt gtcattgctac aggggtgctgc	1190
ggccagtggc agcgcagtgc actctcagcc tgtatggggc taccgctgtg ccactgagca	1250
ctgggcatgc cactgagcac tgggcgtgct actgagcaat gggcgtgcta ctgagcaatg	1310
ggcgtgctac tgacaatggg cgtgctactg gggctctggca gtggctagga tggagtttga	1370
tgcattcagt agcgggtggc aacgtcatgt ggatggtgga agtgctgagg ggtttaggca	1430
gccggcattt gagagggcta agttataaat cgcattgctgc tcatgcgcac atatctgcac	1490
acagccaggg aaatcccttc gagagtgatt atgggacact tgtattgggtt tcgtgctatt	1550

gttttattca gcagcagtag ttagtgaggg tgagagcagg gtggtgagag tggagtgagt 1610  
gagtatgaac ctggtcagcg aggtgaacag cctgtaatga atgactctgt ct 1662

<210> 4  
<211> 320  
<212> PRT  
<213> Haematococcus pluvialis

<400> 4

Met His Val Ala Ser Ala Leu Met Val Glu Gln Lys Gly Ser Glu Ala  
1 5 10 15

Ala Ala Ser Ser Pro Asp Val Leu Arg Ala Trp Ala Thr Gln Tyr His  
20 25 30

Met Pro Ser Glu Ser Ser Asp Ala Ala Arg Pro Ala Leu Lys His Ala  
35 40 45

Tyr Lys Pro Pro Ala Ser Asp Ala Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Thr  
50 55 60

Ile Ile Gly Thr Trp Thr Ala Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile  
65 70 75 80

Arg Leu Pro Thr Ser Met Asp Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Glu  
85 90 95

Ala Thr Ala Gln Leu Leu Gly Gly Ser Ser Ser Leu Leu His Ile Ala  
100 105 110

Ala Val Phe Ile Val Leu Glu Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr  
115 120 125

Thr His Asp Ala Met His Gly Thr Ile Ala Leu Arg His Arg Gln Leu  
130 135 140

Asn Asp Leu Leu Gly Asn Ile Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp  
145 150 155 160

Tyr Ser Met Leu His Arg Lys His Trp Glu His His Asn His Thr Gly  
165 170 175

Glu Val Gly Lys Asp Pro Asp Phe His Lys Gly Asn Pro Gly Leu Val

180

185

190

Pro Trp Phe Ala Ser Phe Met Ser Ser Tyr Met Ser Leu Trp Gln Phe  
 195 200 205

Ala Arg Leu Ala Trp Trp Ala Val Val Met Gln Met Leu Gly Ala Pro  
 210 215 220

Met Ala Asn Leu Leu Val Phe Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala  
 225 230 235 240

Phe Arg Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Tyr Leu Pro His Lys Pro Glu Pro  
 245 250 255

Gly Pro Ala Ala Gly Ser Gln Val Met Ala Trp Phe Arg Ala Lys Thr  
 260 265 270

Ser Glu Ala Ser Asp Val Met Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp  
 275 280 285

Leu His Trp Glu His His Arg Trp Pro Phe Ala Pro Trp Trp Gln Leu  
 290 295 300

Pro His Cys Arg Arg Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val Pro Ala Leu Ala  
 305 310 315 320

&lt;210&gt; 5

&lt;211&gt; 729

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Agrobacterium aurantiacum

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (1)..(729)

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 5

atg agc gca cat gcc ctg ccc aag gca gat ctg acc gcc acc agc ctg 48  
 Met Ser Ala His Ala Leu Pro Lys Ala Asp Leu Thr Ala Thr Ser Leu  
 1 5 10 15

atc gtc tcg ggc ggc atc atc gcc gct tgg ctg gcc ctg cat gtg cat 96  
 Ile Val Ser Gly Gly Ile Ile Ala Ala Trp Leu Ala Leu His Val His  
 20 25 30

gcg ctg tgg ttt ctg gac gca gcg gcg cat ccc atc ctg gcg atc gca 144  
 Ala Leu Trp Phe Leu Asp Ala Ala Ala His Pro Ile Leu Ala Ile Ala

35	40	45	
aat ttc ctg ggg ctg acc tgg ctg tcg gtc gga ttg ttc atc atc gcg Asn Phe Leu Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala 50 55 60			192
cat gac gcg atg cac ggg tcg gtg gtg ccg ggg cgt ccg cgc gcc aat His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn 65 70 75 80			240
gcg gcg atg ggc cag ctt gtc ctg tgg ctg tat gcc gga ttt tcg tgg Ala Ala Met Gly Gln Leu Val Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp 85 90 95			288
cgc aag atg atc gtc aag cac atg gcc cat cac cgc cat gcc gga acc Arg Lys Met Ile Val Lys His Met Ala His His Arg His Ala Gly Thr 100 105 110			336
gac gac gac ccc gat ttc gac cat ggc ggc ccg gtc cgc tgg tac gcc Asp Asp Asp Pro Asp Phe Asp His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Ala 115 120 125			384
cgc ttc atc ggc acc tat ttc ggc tgg cgc gag ggg ctg ctg ctg ccc Arg Phe Ile Gly Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro 130 135 140			432
gtc atc gtg acg gtc tat gcg ctg atc ctt ggg gat cgc tgg atg tac Val Ile Val Thr Val Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr 145 150 155 160			480
gtg gtc ttc tgg ccg ctg ccg tcg atc ctg gcg tcg atc cag ctg ttc Val Val Phe Trp Pro Leu Pro Ser Ile Leu Ala Ser Ile Gln Leu Phe 165 170 175			528
gtg ttc ggc acc tgg ctg ccg cac cgc ccc ggc cac gac gcg ttc ccg Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Ala Phe Pro 180 185 190			576
gac cgc cac aat gcg cgg tcg tcg cgg atc agc gac ccc gtg tcg ctg Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Ser Arg Ile Ser Asp Pro Val Ser Leu 195 200 205			624
ctg acc tgc ttt cac ttt ggc ggt tat cat cac gaa cac cac ctg cac Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His 210 215 220			672
ccg acg gtg ccg tgg tgg cgc ctg ccc agc acc cgc acc aag ggg gac Pro Thr Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Ser Thr Arg Thr Lys Gly Asp 225 230 235 240			720
acc gca tga Thr Ala			729

<210> 6  
<211> 242

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Agrobacterium aurantiacum

&lt;400&gt; 6

Met Ser Ala His Ala Leu Pro Lys Ala Asp Leu Thr Ala Thr Ser Leu  
 1 5 10 15

Ile Val Ser Gly Gly Ile Ile Ala Ala Trp Leu Ala Leu His Val His  
 20 25 30

Ala Leu Trp Phe Leu Asp Ala Ala Ala His Pro Ile Leu Ala Ile Ala  
 35 40 45

Asn Phe Leu Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala  
 50 55 60

His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn  
 65 70 75 80

Ala Ala Met Gly Gln Leu Val Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp  
 85 90 95

Arg Lys Met Ile Val Lys His Met Ala His His Arg His Ala Gly Thr  
 100 105 110

Asp Asp Asp Pro Asp Phe Asp His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Ala  
 115 120 125

Arg Phe Ile Gly Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro  
 130 135 140

Val Ile Val Thr Val Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr  
 145 150 155 160

Val Val Phe Trp Pro Leu Pro Ser Ile Leu Ala Ser Ile Gln Leu Phe  
 165 170 175

Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Ala Phe Pro  
 180 185 190

Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Ser Arg Ile Ser Asp Pro Val Ser Leu  
 195 200 205



Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His  
 210 215 220

Pro Thr Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Ser Thr Arg Thr Lys Gly Asp  
 225 230 235 240

Thr Ala

<210> 7  
 <211> 1631  
 <212> DNA  
 <213> *Alcaligenes* sp.

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (99)..(827)  
 <223>

<400> 7  
 ctgcaggccg ggccccggtgg ccaatggtcg caaccggcag gactggaaca ggacggcggg 60  
 ccggtctagg ctgtcgccct acgcagcagg agtttcgg atg tcc gga cgg aag cct 116  
 Met Ser Gly Arg Lys Pro  
 1 5  
 ggc aca act ggc gac acg atc gtc aat ctc ggt ctg acc gcc gcg atc 164  
 Gly Thr Thr Gly Asp Thr Ile Val Asn Leu Gly Leu Thr Ala Ala Ile  
 10 15 20  
 ctg ctg tgc tgg ctg gtc ctg cac gcc ttt acg cta tgg ttg cta gat 212  
 Leu Leu Cys Trp Leu Val Leu His Ala Phe Thr Leu Trp Leu Leu Asp  
 25 30 35  
 gcg gcc gcg cat ccg ctg ctt gcc gtg ctg tgc ctg gct ggg ctg acc 260  
 Ala Ala Ala His Pro Leu Leu Ala Val Leu Cys Leu Ala Gly Leu Thr  
 40 45 50  
 tgg ctg tgc gtc ggg ctg ttc atc atc gcg cat gac gca atg cac ggg 308  
 Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala His Asp Ala Met His Gly  
 55 60 65 70  
 tcc gtg gtg ccg ggg cgg ccg cgc gcc aat gcg gcg atc ggg caa ctg 356  
 Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn Ala Ala Ile Gly Gln Leu  
 75 80 85  
 gcg ctg tgg ctc tat gcg ggg ttc tgc tgg ccc aag ctg atc gcc aag 404  
 Ala Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp Pro Lys Leu Ile Ala Lys  
 90 95 100  
 cac atg acg cat cac cgg cac gcc ggc acc gac aac gat ccc gat ttc 452  
 His Met Thr His His Arg His Ala Gly Thr Asp Asn Asp Pro Asp Phe  
 105 110 115

ggt cac gga ggg ccc gtg cgc tgg tac ggc agc ttc gtc tcc acc tat	500
Gly His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Gly Ser Phe Val Ser Thr Tyr	
120 125 130	
ttc ggc tgg cga gag gga ctg ctg cta ccg gtg atc gtc acc acc tat	548
Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro Val Ile Val Thr Thr Tyr	
135 140 145 150	
gcg ctg atc ctg ggc gat cgc tgg atg tat gtc atc ttc tgg ccg gtc	596
Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr Val Ile Phe Trp Pro Val	
155 160 165	
ccg gcc gtt ctg gcg tcg atc cag att ttc gtc ttc gga act tgg ctg	644
Pro Ala Val Leu Ala Ser Ile Gln Ile Phe Val Phe Gly Thr Trp Leu	
170 175 180	
ccc cac cgc ccg gga cat gac gat ttt ccc gac ccg cac aac gcg agg	692
Pro His Arg Pro Gly His Asp Asp Phe Pro Asp Arg His Asn Ala Arg	
185 190 195	
tcg acc ggc atc ggc gac ccg ttg tca cta ctg acc tgc ttc cat ttc	740
Ser Thr Gly Ile Gly Asp Pro Leu Ser Leu Leu Thr Cys Phe His Phe	
200 205 210	
ggc ggc tat cac cac gaa cat cac ctg cat ccg cat gtg ccg tgg tgg	788
Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His Pro His Val Pro Trp Trp	
215 220 225 230	
cgc ctg cct cgt aca cgc aag acc gga ggc cgc gca tga cgcaattcct	837
Arg Leu Pro Arg Thr Arg Lys Thr Gly Gly Arg Ala	
235 240	
cattgtcgtg gcgacagtcc tcgtgatgga gctgaccgcc tattccgtcc accgctggat	897
tatgcacggc cccctaggct ggggctggca caagtcccat cacgaagagc acgaccacgc	957
gttgagagaag aacgacctct acggcgctcgt cttcgcgggtg ctggcgacga tcctcttcac	1017
cgtgggcgcc tattggtggc cgggtgctgtg gtggatcgcc ctgggcatga cgggtctatgg	1077
gttgatctat ttcactctgc acgacgggct tgtgcatcaa cgctggccgt ttcggtatat	1137
tccgcggcgg ggctatttcc gcaggctcta ccaagctcat cgctgcacc acgcggtcga	1197
ggggcgggac cactgcgtca gcttcggctt catctatgcc ccaccgtgg acaagctgaa	1257
gcaggatctg aagcggtcgg gtgtcctgcg ccccaggac gagcgctcgt cgtgatctct	1317
gatcccggcg tggccgcgatg aaatccgacg tgctgctggc aggggcccgc cttgccaacg	1377
gactgatcgc gctggcgatc cgcaaggcgc ggcccacact tcgctgctg ctgctggacc	1437
gtgcggcggg cgcctcggac gggcatactt ggtcctgcca cgacaccgat ttggcgccgc	1497
actggctgga ccgcctgaag ccgatcaggc gtggcgactg gcccgatcag gaggtgcggt	1557

tcccagacca ttgcgaagg ctccgggccg gatatggctc gatcgacggg cgggggctga 1617  
 tgcgtgcggt gacc 1631

<210> 8  
 <211> 242  
 <212> PRT  
 <213> Alcaligenes sp.

<400> 8

Met Ser Gly Arg Lys Pro Gly Thr Thr Gly Asp Thr Ile Val Asn Leu  
 1 5 10 15

Gly Leu Thr Ala Ala Ile Leu Leu Cys Trp Leu Val Leu His Ala Phe  
 20 25 30

Thr Leu Trp Leu Leu Asp Ala Ala Ala His Pro Leu Leu Ala Val Leu  
 35 40 45

Cys Leu Ala Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala  
 50 55 60

His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn  
 65 70 75 80

Ala Ala Ile Gly Gln Leu Ala Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp  
 85 90 95

Pro Lys Leu Ile Ala Lys His Met Thr His His Arg His Ala Gly Thr  
 100 105 110

Asp Asn Asp Pro Asp Phe Gly His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Gly  
 115 120 125

Ser Phe Val Ser Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro  
 130 135 140

Val Ile Val Thr Thr Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr  
 145 150 155 160

Val Ile Phe Trp Pro Val Pro Ala Val Leu Ala Ser Ile Gln Ile Phe  
 165 170 175

Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Asp Phe Pro

180

185

190

Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Thr Gly Ile Gly Asp Pro Leu Ser Leu  
 195 200 205

Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His  
 210 215 220

Pro His Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Arg Thr Arg Lys Thr Gly Gly  
 225 230 235 240

Arg Ala

<210> 9  
 <211> 729  
 <212> DNA  
 <213> *Paracoccus marcusii*

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(729)  
 <223>

<400> 9  
 atg agc gca cat gcc ctg ccc aag gca gat ctg acc gcc aca agc ctg 48  
 Met Ser Ala His Ala Leu Pro Lys Ala Asp Leu Thr Ala Thr Ser Leu  
 1 5 10 15  
 atc gtc tcg ggc ggc atc atc gcc gca tgg ctg gcc ctg cat gtg cat 96  
 Ile Val Ser Gly Gly Ile Ile Ala Ala Trp Leu Ala Leu His Val His  
 20 25 30  
 gcg ctg tgg ttt ctg gac gcg gcg gcc cat ccc atc ctg gcg gtc gcg 144  
 Ala Leu Trp Phe Leu Asp Ala Ala Ala His Pro Ile Leu Ala Val Ala  
 35 40 45  
 aat ttc ctg ggg ctg acc tgg ctg tcg gtc gga ttg ttc atc atc gcg 192  
 Asn Phe Leu Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala  
 50 55 60  
 cat gac gcg atg cac ggg tcg gtc gtg ccg ggg cgt ccg cgc gcc aat 240  
 His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn  
 65 70 75 80  
 gcg gcg atg ggc cag ctt gtc ctg tgg ctg tat gcc gga ttt tcg tgg 288  
 Ala Ala Met Gly Gln Leu Val Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp  
 85 90 95  
 cgc aag atg atc gtc aag cac atg gcc cat cac cgc cat gcc gga acc 336  
 Arg Lys Met Ile Val Lys His Met Ala His His Arg His Ala Gly Thr

100	105	110	
gac gac gac cca gat ttc gac cat ggc ggc ccg gtc cgc tgg tac gcc			384
Asp Asp Asp Pro Asp Phe Asp His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Ala			
115	120	125	
cgc ttc atc ggc acc tat ttc ggc tgg cgc gag ggg ctg ctg ctg ccc			432
Arg Phe Ile Gly Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro			
130	135	140	
gtc atc gtg acg gtc tat gcg ctg atc ctg ggg gat cgc tgg atg tac			480
Val Ile Val Thr Val Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr			
145	150	155	160
gtg gtc ttc tgg ccg ttg ccg tcg atc ctg gcg tcg atc cag ctg ttc			528
Val Val Phe Trp Pro Leu Pro Ser Ile Leu Ala Ser Ile Gln Leu Phe			
165	170	175	
gtg ttc ggc act tgg ctg ccg cac cgc ccc ggc cac gac gcg ttc ccg			576
Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Ala Phe Pro			
180	185	190	
gac cgc cat aat gcg cgg tcg tcg cgg atc agc gac cct gtg tcg ctg			624
Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Ser Arg Ile Ser Asp Pro Val Ser Leu			
195	200	205	
ctg acc tgc ttt cat ttt ggc ggt tat cat cac gaa cac cac ctg cac			672
Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His			
210	215	220	
ccg acg gtg ccg tgg tgg cgc ctg ccc agc acc cgc acc aag ggg gac			720
Pro Thr Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Ser Thr Arg Thr Lys Gly Asp			
225	230	235	240
acc gca tga			729
Thr Ala			

<210> 10  
 <211> 242  
 <212> PRT  
 <213> *Paracoccus marcusii*

<400> 10

Met Ser Ala His Ala Leu Pro Lys Ala Asp Leu Thr Ala Thr Ser Leu  
 1 5 10 15

Ile Val Ser Gly Gly Ile Ile Ala Ala Trp Leu Ala Leu His Val His  
 20 25 30

Ala Leu Trp Phe Leu Asp Ala Ala Ala His Pro Ile Leu Ala Val Ala  
 35 40 45

Asn Phe Leu Gly Leu Thr Trp Leu Ser Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala  
50 55 60

His Asp Ala Met His Gly Ser Val Val Pro Gly Arg Pro Arg Ala Asn  
65 70 75 80

Ala Ala Met Gly Gln Leu Val Leu Trp Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Trp  
85 90 95

Arg Lys Met Ile Val Lys His Met Ala His His Arg His Ala Gly Thr  
100 105 110

Asp Asp Asp Pro Asp Phe Asp His Gly Gly Pro Val Arg Trp Tyr Ala  
115 120 125

Arg Phe Ile Gly Thr Tyr Phe Gly Trp Arg Glu Gly Leu Leu Leu Pro  
130 135 140

Val Ile Val Thr Val Tyr Ala Leu Ile Leu Gly Asp Arg Trp Met Tyr  
145 150 155 160

Val Val Phe Trp Pro Leu Pro Ser Ile Leu Ala Ser Ile Gln Leu Phe  
165 170 175

Val Phe Gly Thr Trp Leu Pro His Arg Pro Gly His Asp Ala Phe Pro  
180 185 190

Asp Arg His Asn Ala Arg Ser Ser Arg Ile Ser Asp Pro Val Ser Leu  
195 200 205

Leu Thr Cys Phe His Phe Gly Gly Tyr His His Glu His His Leu His  
210 215 220

Pro Thr Val Pro Trp Trp Arg Leu Pro Ser Thr Arg Thr Lys Gly Asp  
225 230 235 240

Thr Ala

<210> 11

<211> 1629

<212> DNA

<213> Synechococcus sp.

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1629)  
 <223>

<400> 11  
 atg atc acc acc gat gtt gtc att att ggg gcg ggg cac aat ggc tta 48  
 Met Ile Thr Thr Asp Val Val Ile Ile Gly Ala Gly His Asn Gly Leu  
 1 5 10 15  
 gtc tgt gca gcc tat ttg ctc caa cgg ggc ttg ggg gtg acg tta cta 96  
 Val Cys Ala Ala Tyr Leu Leu Gln Arg Gly Leu Gly Val Thr Leu Leu  
 20 25 30  
 gaa aag cgg gaa gta cca ggg ggg gcg gcc acc aca gaa gct ctc atg 144  
 Glu Lys Arg Glu Val Pro Gly Gly Ala Ala Thr Thr Glu Ala Leu Met  
 35 40 45  
 ccg gag cta tcc ccc cag ttt cgc ttt aac cgc tgt gcc att gac cac 192  
 Pro Glu Leu Ser Pro Gln Phe Arg Phe Asn Arg Cys Ala Ile Asp His  
 50 55 60  
 gaa ttt atc ttt ctg ggg ccg gtg ttg cag gag cta aat tta gcc cag 240  
 Glu Phe Ile Phe Leu Gly Pro Val Leu Gln Glu Leu Asn Leu Ala Gln  
 65 70 75 80  
 tat ggt ttg gaa tat tta ttt tgt gac ccc agt gtt ttt tgt ccg ggg 288  
 Tyr Gly Leu Glu Tyr Leu Phe Cys Asp Pro Ser Val Phe Cys Pro Gly  
 85 90 95  
 ctg gat ggc caa gct ttt atg agc tac cgt tcc cta gaa aaa acc tgt 336  
 Leu Asp Gly Gln Ala Phe Met Ser Tyr Arg Ser Leu Glu Lys Thr Cys  
 100 105 110  
 gcc cac att gcc acc tat agc ccc cga gat gcg gaa aaa tat ccg caa 384  
 Ala His Ile Ala Thr Tyr Ser Pro Arg Asp Ala Glu Lys Tyr Arg Gln  
 115 120 125  
 ttt gtc aat tat tgg acg gat ttg ctc aac gct gtc cag cct gct ttt 432  
 Phe Val Asn Tyr Trp Thr Asp Leu Leu Asn Ala Val Gln Pro Ala Phe  
 130 135 140  
 aat gct ccg ccc cag gct tta cta gat tta gcc ctg aac tat ggt tgg 480  
 Asn Ala Pro Pro Gln Ala Leu Leu Asp Leu Ala Leu Asn Tyr Gly Trp  
 145 150 155 160  
 gaa aac tta aaa tcc gtg ctg gcg atc gcc ggg tcg aaa acc aag gcg 528  
 Glu Asn Leu Lys Ser Val Leu Ala Ile Ala Gly Ser Lys Thr Lys Ala  
 165 170 175  
 ttg gat ttt atc cgc act atg atc ggc tcc ccg gaa gat gtg ctc aat 576  
 Leu Asp Phe Ile Arg Thr Met Ile Gly Ser Pro Glu Asp Val Leu Asn  
 180 185 190  
 gaa tgg ttc gac agc gaa cgg gtt aaa gct cct tta gct aga cta tgt 624



Glu Trp Phe Asp Ser Glu Arg Val Lys Ala Pro Leu Ala Arg Leu Cys	
195 200 205	
tcg gaa att ggc gct ccc cca tcc caa aag ggt agt agc tcc ggc atg	672
Ser Glu Ile Gly Ala Pro Pro Ser Gln Lys Gly Ser Ser Ser Gly Met	
210 215 220	
atg atg gtg gcc atg cgg cat ttg gag gga att gcc aga cca aaa gga	720
Met Met Val Ala Met Arg His Leu Glu Gly Ile Ala Arg Pro Lys Gly	
225 230 235 240	
ggc act gga gcc ctc aca gaa gcc ttg gtg aag tta gtg caa gcc caa	768
Gly Thr Gly Ala Leu Thr Glu Ala Leu Val Lys Leu Val Gln Ala Gln	
245 250 255	
ggg gga aaa atc ctc act gac caa acc gtc aaa cgg gta ttg gtg gaa	816
Gly Gly Lys Ile Leu Thr Asp Gln Thr Val Lys Arg Val Leu Val Glu	
260 265 270	
aac aac cag gcg atc ggg gtg gag gta gct aac gga gaa cag tac cgg	864
Asn Asn Gln Ala Ile Gly Val Glu Val Ala Asn Gly Glu Gln Tyr Arg	
275 280 285	
gcc aaa aaa ggc gtg att tct aac atc gat gcc cgc cgt tta ttt ttg	912
Ala Lys Lys Gly Val Ile Ser Asn Ile Asp Ala Arg Arg Leu Phe Leu	
290 295 300	
caa ttg gtg gaa ccg ggg gcc cta gcc aag gtg aat caa aac cta ggg	960
Gln Leu Val Glu Pro Gly Ala Leu Ala Lys Val Asn Gln Asn Leu Gly	
305 310 315 320	
gaa cga ctg gaa cgg cgc act gtg aac aat aac gaa gcc att tta aaa	1008
Glu Arg Leu Glu Arg Arg Thr Val Asn Asn Asn Glu Ala Ile Leu Lys	
325 330 335	
atc gat tgt gcc ctc tcc ggt tta ccc cac ttc act gcc atg gcc ggg	1056
Ile Asp Cys Ala Leu Ser Gly Leu Pro His Phe Thr Ala Met Ala Gly	
340 345 350	
ccg gag gat cta acg gga act att ttg att gcc gac tcg gta cgc cat	1104
Pro Glu Asp Leu Thr Gly Thr Ile Leu Ile Ala Asp Ser Val Arg His	
355 360 365	
gtc gag gaa gcc cac gcc ctc att gcc ttg ggg caa att ccc gat gct	1152
Val Glu Glu Ala His Ala Leu Ile Ala Leu Gly Gln Ile Pro Asp Ala	
370 375 380	
aat ccg tct tta tat ttg gat att ccc act gta ttg gac ccc acc atg	1200
Asn Pro Ser Leu Tyr Leu Asp Ile Pro Thr Val Leu Asp Pro Thr Met	
385 390 395 400	
gcc ccc cct ggg cag cac acc ctc tgg atc gaa ttt ttt gcc ccc tac	1248
Ala Pro Pro Gly Gln His Thr Leu Trp Ile Glu Phe Phe Ala Pro Tyr	
405 410 415	
cgc atc gcc ggg ttg gaa ggg aca ggg tta atg ggc aca ggt tgg acc	1296
Arg Ile Ala Gly Leu Glu Gly Thr Gly Leu Met Gly Thr Gly Trp Thr	

420	425	430	
gat gag tta aag gaa aaa gtg gcg gat cgg gtg att gat aaa tta acg			1344
Asp Glu Leu Lys Glu Lys Val Ala Asp Arg Val Ile Asp Lys Leu Thr			
435	440	445	
gac tat gcc cct aac cta aaa tct ctg atc att ggt cgc cga gtg gaa			1392
Asp Tyr Ala Pro Asn Leu Lys Ser Leu Ile Ile Gly Arg Arg Val Glu			
450	455	460	
agt ccc gcc gaa ctg gcc caa cgg ctg gga agt tac aac ggc aat gtc			1440
Ser Pro Ala Glu Leu Ala Gln Arg Leu Gly Ser Tyr Asn Gly Asn Val			
465	470	475	480
tat cat ctg gat atg agt ttg gac caa atg atg ttc ctc cgg cct cta			1488
Tyr His Leu Asp Met Ser Leu Asp Gln Met Met Phe Leu Arg Pro Leu			
485	490	495	
ccg gaa att gcc aac tac caa acc ccc atc aaa aat ctt tac tta aca			1536
Pro Glu Ile Ala Asn Tyr Gln Thr Pro Ile Lys Asn Leu Tyr Leu Thr			
500	505	510	
ggg gcg ggt acc cat ccc ggt ggc tcc ata tca ggt atg ccc ggt aga			1584
Gly Ala Gly Thr His Pro Gly Gly Ser Ile Ser Gly Met Pro Gly Arg			
515	520	525	
aat tgc gct cgg gtc ttt tta aaa caa caa cgt cgt ttt tgg taa			1629
Asn Cys Ala Arg Val Phe Leu Lys Gln Gln Arg Arg Phe Trp			
530	535	540	
<210> 12			
<211> 542			
<212> PRT			
<213> Synechococcus sp.			
<400> 12			
Met Ile Thr Thr Asp Val Val Ile Ile Gly Ala Gly His Asn Gly Leu			
1	5	10	15
Val Cys Ala Ala Tyr Leu Leu Gln Arg Gly Leu Gly Val Thr Leu Leu			
20	25	30	
Glu Lys Arg Glu Val Pro Gly Gly Ala Ala Thr Thr Glu Ala Leu Met			
35	40	45	
Pro Glu Leu Ser Pro Gln Phe Arg Phe Asn Arg Cys Ala Ile Asp His			
50	55	60	
Glu Phe Ile Phe Leu Gly Pro Val Leu Gln Glu Leu Asn Leu Ala Gln			
65	70	75	80

Tyr	Gly	Leu	Glu	Tyr	Leu	Phe	Cys	Asp	Pro	Ser	Val	Phe	Cys	Pro	Gly	85	90	95
Leu	Asp	Gly	Gln	Ala	Phe	Met	Ser	Tyr	Arg	Ser	Leu	Glu	Lys	Thr	Cys	100	105	110
Ala	His	Ile	Ala	Thr	Tyr	Ser	Pro	Arg	Asp	Ala	Glu	Lys	Tyr	Arg	Gln	115	120	125
Phe	Val	Asn	Tyr	Trp	Thr	Asp	Leu	Leu	Asn	Ala	Val	Gln	Pro	Ala	Phe	130	135	140
Asn	Ala	Pro	Pro	Gln	Ala	Leu	Leu	Asp	Leu	Ala	Leu	Asn	Tyr	Gly	Trp	145	150	155
Glu	Asn	Leu	Lys	Ser	Val	Leu	Ala	Ile	Ala	Gly	Ser	Lys	Thr	Lys	Ala	165	170	175
Leu	Asp	Phe	Ile	Arg	Thr	Met	Ile	Gly	Ser	Pro	Glu	Asp	Val	Leu	Asn	180	185	190
Glu	Trp	Phe	Asp	Ser	Glu	Arg	Val	Lys	Ala	Pro	Leu	Ala	Arg	Leu	Cys	195	200	205
Ser	Glu	Ile	Gly	Ala	Pro	Pro	Ser	Gln	Lys	Gly	Ser	Ser	Ser	Gly	Met	210	215	220
Met	Met	Val	Ala	Met	Arg	His	Leu	Glu	Gly	Ile	Ala	Arg	Pro	Lys	Gly	225	230	235
Gly	Thr	Gly	Ala	Leu	Thr	Glu	Ala	Leu	Val	Lys	Leu	Val	Gln	Ala	Gln	245	250	255
Gly	Gly	Lys	Ile	Leu	Thr	Asp	Gln	Thr	Val	Lys	Arg	Val	Leu	Val	Glu	260	265	270
Asn	Asn	Gln	Ala	Ile	Gly	Val	Glu	Val	Ala	Asn	Gly	Glu	Gln	Tyr	Arg	275	280	285
Ala	Lys	Lys	Gly	Val	Ile	Ser	Asn	Ile	Asp	Ala	Arg	Arg	Leu	Phe	Leu	290	295	300

## DE 102 38 980 A1 2004.03.04

Gln Leu Val Glu Pro Gly Ala Leu Ala Lys Val Asn Gln Asn Leu Gly  
 305 310 315 320

Glu Arg Leu Glu Arg Arg Thr Val Asn Asn Asn Glu Ala Ile Leu Lys  
 325 330 335

Ile Asp Cys Ala Leu Ser Gly Leu Pro His Phe Thr Ala Met Ala Gly  
 340 345 350

Pro Glu Asp Leu Thr Gly Thr Ile Leu Ile Ala Asp Ser Val Arg His  
 355 360 365

Val Glu Glu Ala His Ala Leu Ile Ala Leu Gly Gln Ile Pro Asp Ala  
 370 375 380

Asn Pro Ser Leu Tyr Leu Asp Ile Pro Thr Val Leu Asp Pro Thr Met  
 385 390 395 400

Ala Pro Pro Gly Gln His Thr Leu Trp Ile Glu Phe Phe Ala Pro Tyr  
 405 410 415

Arg Ile Ala Gly Leu Glu Gly Thr Gly Leu Met Gly Thr Gly Trp Thr  
 420 425 430

Asp Glu Leu Lys Glu Lys Val Ala Asp Arg Val Ile Asp Lys Leu Thr  
 435 440 445

Asp Tyr Ala Pro Asn Leu Lys Ser Leu Ile Ile Gly Arg Arg Val Glu  
 450 455 460

Ser Pro Ala Glu Leu Ala Gln Arg Leu Gly Ser Tyr Asn Gly Asn Val  
 465 470 475 480

Tyr His Leu Asp Met Ser Leu Asp Gln Met Met Phe Leu Arg Pro Leu  
 485 490 495

Pro Glu Ile Ala Asn Tyr Gln Thr Pro Ile Lys Asn Leu Tyr Leu Thr  
 500 505 510

Gly Ala Gly Thr His Pro Gly Gly Ser Ile Ser Gly Met Pro Gly Arg  
 515 520 525

Asn Cys Ala Arg Val Phe Leu Lys Gln Gln Arg Arg Phe Trp

530

535

540

<210> 13  
 <211> 776  
 <212> DNA  
 <213> Bradyrhizobium sp.

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(774)  
 <223>

<400> 13  
 atg cat gca gca acc gcc aag gct act gag ttc ggg gcc tct cgg cgc 48  
 Met His Ala Ala Thr Ala Lys Ala Thr Glu Phe Gly Ala Ser Arg Arg  
 1 5 10 15  
 gac gat gcg agg cag cgc cgc gtc ggt ctc acg ctg gcc gcg gtc atc 96  
 Asp Asp Ala Arg Gln Arg Arg Val Gly Leu Thr Leu Ala Ala Val Ile  
 20 25 30  
 atc gcc gcc tgg ctg gtg ctg cat gtc ggt ctg atg ttc ttc tgg ccg 144  
 Ile Ala Ala Trp Leu Val Leu His Val Gly Leu Met Phe Phe Trp Pro  
 35 40 45  
 ctg acc ctt cac agc ctg ctg ccg gct ttg cct ctg gtg gtg ctg cag 192  
 Leu Thr Leu His Ser Leu Leu Pro Ala Leu Pro Leu Val Val Leu Gln  
 50 55 60  
 acc tgg ctc tat gta ggc ctg ttc atc atc gcg cat gac tgc atg cac 240  
 Thr Trp Leu Tyr Val Gly Leu Phe Ile Ile Ala His Asp Cys Met His  
 65 70 75 80  
 ggc tcg ctg gtg ccg ttc aag ccg cag gtc aac cgc cgt atc gga cag 288  
 Gly Ser Leu Val Pro Phe Lys Pro Gln Val Asn Arg Arg Ile Gly Gln  
 85 90 95  
 ctc tgc ctg ttc ctc tat gcc ggg ttc tcc ttc gac gct ctc aat gtc 336  
 Leu Cys Leu Phe Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Phe Asp Ala Leu Asn Val  
 100 105 110  
 gag cac cac aag cat cac cgc cat ccc ggc acg gcc gag gat ccc gat 384  
 Glu His His Lys His His Arg His Pro Gly Thr Ala Glu Asp Pro Asp  
 115 120 125  
 ttc gac gag gtg ccg ccg cac ggc ttc tgg cac tgg ttc gcc agc ttt 432  
 Phe Asp Glu Val Pro Pro His Gly Phe Trp His Trp Phe Ala Ser Phe  
 130 135 140  
 ttc ctg cac tat ttc ggc tgg aag cag gtc gcg atc atc gca gcc gtc 480  
 Phe Leu His Tyr Phe Gly Trp Lys Gln Val Ala Ile Ile Ala Ala Val  
 145 150 155 160  
 tcg ctg gtt tat cag ctc gtc ttc gcc gtt ccc ttg cag aac atc ctg 528  
 Ser Leu Val Tyr Gln Leu Val Phe Ala Val Pro Leu Gln Asn Ile Leu

165										170					175					
ctg	ttc	tgg	gcg	ctg	ccc	ggg	ctg	ctg	tcg	gcg	ctg	cag	ctg	ttc	acc	576				
Leu	Phe	Trp	Ala	Leu	Pro	Gly	Leu	Leu	Ser	Ala	Leu	Gln	Leu	Phe	Thr					
180					185					190										
ttc	ggc	acc	tat	ctg	ccg	cac	aag	ccg	gcc	acg	cag	ccc	ttc	gcc	gat	624				
Phe	Gly	Thr	Tyr	Leu	Pro	His	Lys	Pro	Ala	Thr	Gln	Pro	Phe	Ala	Asp					
195					200					205										
cgc	cac	aac	gcg	cgg	acg	agc	gaa	ttt	ccc	gcg	tgg	ctg	tcg	ctg	ctg	672				
Arg	His	Asn	Ala	Arg	Thr	Ser	Glu	Phe	Pro	Ala	Trp	Leu	Ser	Leu	Leu					
210					215					220										
acc	tgc	ttc	cac	ttc	ggc	ttt	cat	cac	gag	cat	cat	ctg	cat	ccc	gat	720				
Thr	Cys	Phe	His	Phe	Gly	Phe	His	His	Glu	His	His	Leu	His	Pro	Asp					
225					230					235					240					
gcg	ccg	tgg	tgg	cgg	ctg	ccg	gag	atc	aag	cgg	cgg	gcc	ctg	gaa	agg	768				
Ala	Pro	Trp	Trp	Arg	Leu	Pro	Glu	Ile	Lys	Arg	Arg	Ala	Leu	Glu	Arg					
245					250					255										
cgt	gac	ta														776				
Arg	Asp																			

<210> 14  
 <211> 258  
 <212> PRT  
 <213> Bradyrhizobium sp.

<400> 14

Met	His	Ala	Ala	Thr	Ala	Lys	Ala	Thr	Glu	Phe	Gly	Ala	Ser	Arg	Arg
1				5					10					15	

Asp	Asp	Ala	Arg	Gln	Arg	Arg	Val	Gly	Leu	Thr	Leu	Ala	Ala	Val	Ile
		20						25					30		

Ile	Ala	Ala	Trp	Leu	Val	Leu	His	Val	Gly	Leu	Met	Phe	Phe	Trp	Pro
	35						40					45			

Leu	Thr	Leu	His	Ser	Leu	Leu	Pro	Ala	Leu	Pro	Leu	Val	Val	Leu	Gln
	50					55					60				

Thr	Trp	Leu	Tyr	Val	Gly	Leu	Phe	Ile	Ile	Ala	His	Asp	Cys	Met	His
65					70					75					80

Gly	Ser	Leu	Val	Pro	Phe	Lys	Pro	Gln	Val	Asn	Arg	Arg	Ile	Gly	Gln
				85						90				95	

Leu Cys Leu Phe Leu Tyr Ala Gly Phe Ser Phe Asp Ala Leu Asn Val  
 100 105 110

Glu His His Lys His His Arg His Pro Gly Thr Ala Glu Asp Pro Asp  
 115 120 125

Phe Asp Glu Val Pro Pro His Gly Phe Trp His Trp Phe Ala Ser Phe  
 130 135 140

Phe Leu His Tyr Phe Gly Trp Lys Gln Val Ala Ile Ile Ala Ala Val  
 145 150 155 160

Ser Leu Val Tyr Gln Leu Val Phe Ala Val Pro Leu Gln Asn Ile Leu  
 165 170 175

Leu Phe Trp Ala Leu Pro Gly Leu Leu Ser Ala Leu Gln Leu Phe Thr  
 180 185 190

Phe Gly Thr Tyr Leu Pro His Lys Pro Ala Thr Gln Pro Phe Ala Asp  
 195 200 205

Arg His Asn Ala Arg Thr Ser Glu Phe Pro Ala Trp Leu Ser Leu Leu  
 210 215 220

Thr Cys Phe His Phe Gly Phe His His Glu His His Leu His Pro Asp  
 225 230 235 240

Ala Pro Trp Trp Arg Leu Pro Glu Ile Lys Arg Arg Ala Leu Glu Arg  
 245 250 255

Arg Asp

<210> 15  
 <211> 777  
 <212> DNA  
 <213> Nostoc sp.

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(777)  
 <223>

<400> 15

## DE 102 38 980 A1 2004.03.04

atg gtt cag tgt caa cca tca tct ctg cat tca gaa aaa ctg gtg tta Met Val Gln Cys Gln Pro Ser Ser Leu His Ser Glu Lys Leu Val Leu 1 5 10 15	48
ttg tca tcg aca atc aga gat gat aaa aat att aat aag ggt ata ttt Leu Ser Ser Thr Ile Arg Asp Asp Lys Asn Ile Asn Lys Gly Ile Phe 20 25 30	96
att gcc tgc ttt atc tta ttt tta tgg gca att agt tta atc tta tta Ile Ala Cys Phe Ile Leu Phe Leu Trp Ala Ile Ser Leu Ile Leu Leu 35 40 45	144
ctc tca ata gat aca tcc ata att cat aag agc tta tta ggt ata gcc Leu Ser Ile Asp Thr Ser Ile Ile His Lys Ser Leu Leu Gly Ile Ala 50 55 60	192
atg ctt tgg cag acc ttc tta tat aca ggt tta ttt att act gct cat Met Leu Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His 65 70 75 80	240
gat gcc atg cac ggc gta gtt tat ccc aaa aat ccc aga ata aat aat Asp Ala Met His Gly Val Val Tyr Pro Lys Asn Pro Arg Ile Asn Asn 85 90 95	288
ttt ata ggt aag ctc act cta atc ttg tat gga cta ctc cct tat aaa Phe Ile Gly Lys Leu Thr Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Lys 100 105 110	336
gat tta ttg aaa aaa cat tgg tta cac cac gga cat cct ggt act gat Asp Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His Gly His Pro Gly Thr Asp 115 120 125	384
tta gac cct gat tat tac aat ggt cat ccc caa aac ttc ttt ctt tgg Leu Asp Pro Asp Tyr Tyr Asn Gly His Pro Gln Asn Phe Phe Leu Trp 130 135 140	432
tat cta cat ttt atg aag tct tat tgg cga tgg acg caa att ttc gga Tyr Leu His Phe Met Lys Ser Tyr Trp Arg Trp Thr Gln Ile Phe Gly 145 150 155 160	480
tta gtg atg att ttt cat gga ctt aaa aat ctg gtg cat ata cca gaa Leu Val Met Ile Phe His Gly Leu Lys Asn Leu Val His Ile Pro Glu 165 170 175	528
aat aat tta att ata ttt tgg atg ata cct tct att tta agt tca gta Asn Asn Leu Ile Ile Phe Trp Met Ile Pro Ser Ile Leu Ser Ser Val 180 185 190	576
caa cta ttt tat ttt ggt aca ttt ttg cct cat aaa aag cta gaa ggt Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Lys Lys Leu Glu Gly 195 200 205	624
ggt tat act aac ccc cat tgt gcg cgc agt atc cca tta cct ctt ttt Gly Tyr Thr Asn Pro His Cys Ala Arg Ser Ile Pro Leu Pro Leu Phe 210 215 220	672
tgg tct ttt gtt act tgt tat cac ttc ggc tac cac aag gaa cat cac	720



Trp Ser Phe Val Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Lys Glu His His  
 225 230 235 240

gaa tac cct caa ctt cct tgg tgg aaa tta cct gaa gct cac aaa ata 768  
 Glu Tyr Pro Gln Leu Pro Trp Trp Lys Leu Pro Glu Ala His Lys Ile  
 245 250 255

tct tta taa 777  
 Ser Leu

<210> 16  
 <211> 258  
 <212> PRT  
 <213> Nostoc sp.

<400> 16

Met Val Gln Cys Gln Pro Ser Ser Leu His Ser Glu Lys Leu Val Leu  
 1 5 10 15

Leu Ser Ser Thr Ile Arg Asp Asp Lys Asn Ile Asn Lys Gly Ile Phe  
 20 25 30

Ile Ala Cys Phe Ile Leu Phe Leu Trp Ala Ile Ser Leu Ile Leu Leu  
 35 40 45

Leu Ser Ile Asp Thr Ser Ile Ile His Lys Ser Leu Leu Gly Ile Ala  
 50 55 60

Met Leu Trp Gln Thr Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Ala His  
 65 70 75 80

Asp Ala Met His Gly Val Val Tyr Pro Lys Asn Pro Arg Ile Asn Asn  
 85 90 95

Phe Ile Gly Lys Leu Thr Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Leu Pro Tyr Lys  
 100 105 110

Asp Leu Leu Lys Lys His Trp Leu His His Gly His Pro Gly Thr Asp  
 115 120 125

Leu Asp Pro Asp Tyr Tyr Asn Gly His Pro Gln Asn Phe Phe Leu Trp  
 130 135 140

Tyr Leu His Phe Met Lys Ser Tyr Trp Arg Trp Thr Gln Ile Phe Gly  
 145 150 155 160

Leu Val Met Ile Phe His Gly Leu Lys Asn Leu Val His Ile Pro Glu  
 165 170 175

Asn Asn Leu Ile Ile Phe Trp Met Ile Pro Ser Ile Leu Ser Ser Val  
 180 185 190

Gln Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Phe Leu Pro His Lys Lys Leu Glu Gly  
 195 200 205

Gly Tyr Thr Asn Pro His Cys Ala Arg Ser Ile Pro Leu Pro Leu Phe  
 210 215 220

Trp Ser Phe Val Thr Cys Tyr His Phe Gly Tyr His Lys Glu His His  
 225 230 235 240

Glu Tyr Pro Gln Leu Pro Trp Trp Lys Leu Pro Glu Ala His Lys Ile  
 245 250 255

Ser Leu

<210> 17  
 <211> 1608  
 <212> DNA  
 <213> Haematococcus pluvialis

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (3)..(971)  
 <223>

<400> 17  
 ct aca ttt cac aag ccc gtg agc ggt gca agc gct ctg ccc cac atc 47  
 Thr Phe His Lys Pro Val Ser Gly Ala Ser Ala Leu Pro His Ile  
 1 5 10 15  
 ggc cca cct cct cat ctc cat cgg tca ttt gct gct acc acg atg ctg 95  
 Gly Pro Pro Pro His Leu His Arg Ser Phe Ala Ala Thr Thr Met Leu  
 20 25 30  
 tcg aag ctg cag tca atc agc gtc aag gcc cgc cgc gtt gaa cta gcc 143  
 Ser Lys Leu Gln Ser Ile Ser Val Lys Ala Arg Arg Val Glu Leu Ala  
 35 40 45  
 cgc gac atc acg cgg ccc aaa gtc tgc ctg cat gct cag cgg tgc tcg 191  
 Arg Asp Ile Thr Arg Pro Lys Val Cys Leu His Ala Gln Arg Cys Ser  
 50 55 60

## DE 102 38 980 A1 2004.03.04

tta gtt cgg ctg cga gtg gca gca cca cag aca gag gag gcg ctg gga Leu Val Arg Leu Arg Val Ala Ala Pro Gln Thr Glu Glu Ala Leu Gly 65 70 75	239
acc gtg cag gct gcc ggc gcg ggc gat gag cac agc gcc gat gta gca Thr Val Gln Ala Ala Gly Ala Gly Asp Glu His Ser Ala Asp Val Ala 80 85 90 95	287
ctc cag cag ctt gac cgg gct atc gca gag cgt cgt gcc cgg cgc aaa Leu Gln Gln Leu Asp Arg Ala Ile Ala Glu Arg Arg Ala Arg Arg Lys 100 105 110	335
cgg gag cag ctg tca tac cag gct gcc gcc att gca gca tca att ggc Arg Glu Gln Leu Ser Tyr Gln Ala Ala Ala Ile Ala Ala Ser Ile Gly 115 120 125	383
gtg tca ggc att gcc atc ttc gcc acc tac ctg aga ttt gcc atg cac Val Ser Gly Ile Ala Ile Phe Ala Thr Tyr Leu Arg Phe Ala Met His 130 135 140	431
atg acc gtg ggc ggc gca gtg cca tgg ggt gaa gtg gct ggc act ctc Met Thr Val Gly Gly Ala Val Pro Trp Gly Glu Val Ala Gly Thr Leu 145 150 155	479
ctc ttg gtg gtt ggt ggc gcg ctc ggc atg gag atg tat gcc cgc tat Leu Leu Val Val Gly Gly Ala Leu Gly Met Glu Met Tyr Ala Arg Tyr 160 165 170 175	527
gca cac aaa gcc atc tgg cat gag tcg cct ctg ggc tgg ctg ctg cac Ala His Lys Ala Ile Trp His Glu Ser Pro Leu Gly Trp Leu Leu His 180 185 190	575
aag agc cac cac aca cct cgc act gga ccc ttt gaa gcc aac gac ttg Lys Ser His His Thr Pro Arg Thr Gly Pro Phe Glu Ala Asn Asp Leu 195 200 205	623
ttt gca atc atc aat gga ctg ccc gcc atg ctc ctg tgt acc ttt ggc Phe Ala Ile Ile Asn Gly Leu Pro Ala Met Leu Leu Cys Thr Phe Gly 210 215 220	671
ttc tgg ctg ccc aac gtc ctg ggg gcg gcc tgc ttt gga gcg ggg ctg Phe Trp Leu Pro Asn Val Leu Gly Ala Ala Cys Phe Gly Ala Gly Leu 225 230 235	719
ggc atc acg cta tac ggc atg gca tat atg ttt gta cac gat ggc ctg Gly Ile Thr Leu Tyr Gly Met Ala Tyr Met Phe Val His Asp Gly Leu 240 245 250 255	767
gtg cac agg cgc ttt ccc acc ggg ccc atc gct ggc ctg ccc tac atg Val His Arg Arg Phe Pro Thr Gly Pro Ile Ala Gly Leu Pro Tyr Met 260 265 270	815
aag cgc ctg aca gtg gcc cac cag cta cac cac agc ggc aag tac ggt Lys Arg Leu Thr Val Ala His Gln Leu His His Ser Gly Lys Tyr Gly 275 280 285	863

ggc gcg ccc tgg ggt atg ttc ttg ggt cca cag gag ctg cag cac att 911  
 Gly Ala Pro Trp Gly Met Phe Leu Gly Pro Gln Glu Leu Gln His Ile  
 290 295 300

cca ggt gcg gcg gag gag gtg gag cga ctg gtc ctg gaa ctg gac tgg 959  
 Pro Gly Ala Ala Glu Glu Val Glu Arg Leu Val Leu Glu Leu Asp Trp  
 305 310 315

tcc aag cgg tag ggtgcggaac caggcagcgt gggtttcacac ctcatgcctg 1011  
 Ser Lys Arg  
 320

tgataaggtg tggctagagc gatgcgtgtg agacgggtat gtcacggctg actggtctga 1071

tggccaatgg catcggccat gtctgggtcat cacgggctgg ttgcctgggt gaaggtgatg 1131

cacatcatca tgtgcggttg gaggggctgg cacagtgtgg gctgaactgg agcagttgtc 1191

caggctggcg ttgaatcagt gagggtttgt gattggcgggt tgtgaagcaa tgactccgcc 1251

catattctat ttgtgggagc tgagatgatg gcatgcttgg gatgtgcatg gatcatggta 1311

gtgcagcaaa ctatattcac ctagggctgt tggtaggatc aggtgaggcc ttgcacattg 1371

catgatgtac tcgtcatggt gtgttggtga gaggatggat gtggatggat gtgtattctc 1431

agacgtagac cttgactgga ggcttgatcg agagagtggg ccgtattctt tgagagggga 1491

ggctcgtgcc agaaatggtg agtggatgac tgtgacgctg tacattgcag gcaggtgaga 1551

tgcactgtct cgattgtaaa atacattcag atgcaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1608

<210> 18

<211> 322

<212> PRT

<213> Haematococcus pluvialis

<400> 18

Thr Phe His Lys Pro Val Ser Gly Ala Ser Ala Leu Pro His Ile Gly  
 1 5 10 15

Pro Pro Pro His Leu His Arg Ser Phe Ala Ala Thr Thr Met Leu Ser  
 20 25 30

Lys Leu Gln Ser Ile Ser Val Lys Ala Arg Arg Val Glu Leu Ala Arg  
 35 40 45

Asp Ile Thr Arg Pro Lys Val Cys Leu His Ala Gln Arg Cys Ser Leu  
 50 55 60

Val Arg Leu Arg Val Ala Ala Pro Gln Thr Glu Glu Ala Leu Gly Thr

65		70		75		80									
Val	Gln	Ala	Ala	Gly	Ala	Gly	Asp	Glu	His	Ser	Ala	Asp	Val	Ala	Leu
				85					90					95	
Gln	Gln	Leu	Asp	Arg	Ala	Ile	Ala	Glu	Arg	Arg	Ala	Arg	Arg	Lys	Arg
			100					105					110		
Glu	Gln	Leu	Ser	Tyr	Gln	Ala	Ala	Ala	Ile	Ala	Ala	Ser	Ile	Gly	Val
			115					120				125			
Ser	Gly	Ile	Ala	Ile	Phe	Ala	Thr	Tyr	Leu	Arg	Phe	Ala	Met	His	Met
	130					135					140				
Thr	Val	Gly	Gly	Ala	Val	Pro	Trp	Gly	Glu	Val	Ala	Gly	Thr	Leu	Leu
145					150					155					160
Leu	Val	Val	Gly	Gly	Ala	Leu	Gly	Met	Glu	Met	Tyr	Ala	Arg	Tyr	Ala
				165					170					175	
His	Lys	Ala	Ile	Trp	His	Glu	Ser	Pro	Leu	Gly	Trp	Leu	Leu	His	Lys
			180					185					190		
Ser	His	His	Thr	Pro	Arg	Thr	Gly	Pro	Phe	Glu	Ala	Asn	Asp	Leu	Phe
		195					200					205			
Ala	Ile	Ile	Asn	Gly	Leu	Pro	Ala	Met	Leu	Leu	Cys	Thr	Phe	Gly	Phe
	210					215					220				
Trp	Leu	Pro	Asn	Val	Leu	Gly	Ala	Ala	Cys	Phe	Gly	Ala	Gly	Leu	Gly
225					230					235					240
Ile	Thr	Leu	Tyr	Gly	Met	Ala	Tyr	Met	Phe	Val	His	Asp	Gly	Leu	Val
				245					250					255	
His	Arg	Arg	Phe	Pro	Thr	Gly	Pro	Ile	Ala	Gly	Leu	Pro	Tyr	Met	Lys
			260					265					270		
Arg	Leu	Thr	Val	Ala	His	Gln	Leu	His	His	Ser	Gly	Lys	Tyr	Gly	Gly
		275					280					285			
Ala	Pro	Trp	Gly	Met	Phe	Leu	Gly	Pro	Gln	Glu	Leu	Gln	His	Ile	Pro
	290					295					300				

Gly Ala Ala Glu Glu Val Glu Arg Leu Val Leu Glu Leu Asp Trp Ser  
 305 310 315 320

Lys Arg

<210> 19  
 <211> 1503  
 <212> DNA  
 <213> Tomate

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1503)  
 <223>

<400> 19  
 atg gat act ttg ttg aaa acc cca aat aac ctt gaa ttt ctg aac cca 48  
 Met Asp Thr Leu Leu Lys Thr Pro Asn Asn Leu Glu Phe Leu Asn Pro  
 1 5 10 15  
 cat cat ggt ttt gct gtt aaa gct agt acc ttt aga tct gag aag cat 96  
 His His Gly Phe Ala Val Lys Ala Ser Thr Phe Arg Ser Glu Lys His  
 20 25 30  
 cat aat ttt ggt tct agg aag ttt tgt gaa act ttg ggt aga agt gtt 144  
 His Asn Phe Gly Ser Arg Lys Phe Cys Glu Thr Leu Gly Arg Ser Val  
 35 40 45  
 tgt gtt aag ggt agt agt agt gct ctt tta gag ctt gta cct gag acc 192  
 Cys Val Lys Gly Ser Ser Ser Ala Leu Leu Glu Leu Val Pro Glu Thr  
 50 55 60  
 aaa aag gag aat ctt gat ttt gag ctt cct atg tat gac cct tca aaa 240  
 Lys Lys Glu Asn Leu Asp Phe Glu Leu Pro Met Tyr Asp Pro Ser Lys  
 65 70 75 80  
 ggg gtt gtt gtg gat ctt gct gtg gtt ggt ggt ggc cct gca gga ctt 288  
 Gly Val Val Val Asp Leu Ala Val Val Gly Gly Gly Pro Ala Gly Leu  
 85 90 95  
 gct gtt gca cag caa gtt tct gaa gca gga ctc tct gtt tgt tca att 336  
 Ala Val Ala Gln Gln Val Ser Glu Ala Gly Leu Ser Val Cys Ser Ile  
 100 105 110  
 gat ccg aat cct aaa ttg ata tgg cct aat aac tat ggt gtt tgg gtg 384  
 Asp Pro Asn Pro Lys Leu Ile Trp Pro Asn Asn Tyr Gly Val Trp Val  
 115 120 125  
 gat gaa ttt gag gct atg gac ttg tta gat tgt cta gat gct acc tgg 432  
 Asp Glu Phe Glu Ala Met Asp Leu Leu Asp Cys Leu Asp Ala Thr Trp  
 130 135 140

tct ggt gca gca gtg tac att gat gat aat acg gct aaa gat ctt cat	480
Ser Gly Ala Ala Val Tyr Ile Asp Asp Asn Thr Ala Lys Asp Leu His	
145 150 155 160	
aga cct tat gga agg gtt aac cgg aaa cag ctg aaa tcg aaa atg atg	528
Arg Pro Tyr Gly Arg Val Asn Arg Lys Gln Leu Lys Ser Lys Met Met	
165 170 175	
cag aaa tgt ata atg aat ggt gtt aaa ttc cac caa gcc aaa gtt ata	576
Gln Lys Cys Ile Met Asn Gly Val Lys Phe His Gln Ala Lys Val Ile	
180 185 190	
aag gtg att cat gag gaa tcg aaa tcc atg ttg ata tgc aat gat ggt	624
Lys Val Ile His Glu Glu Ser Lys Ser Met Leu Ile Cys Asn Asp Gly	
195 200 205	
att act att cag gca acg gtg gtg ctc gat gca act ggc ttc tct aga	672
Ile Thr Ile Gln Ala Thr Val Val Leu Asp Ala Thr Gly Phe Ser Arg	
210 215 220	
tct ctt gtt cag tat gat aag cct tat aac ccc ggg tat caa gtt gct	720
Ser Leu Val Gln Tyr Asp Lys Pro Tyr Asn Pro Gly Tyr Gln Val Ala	
225 230 235 240	
tat ggc att ttg gct gaa gtg gaa gag cac ccc ttt gat gta aac aag	768
Tyr Gly Ile Leu Ala Glu Val Glu Glu His Pro Phe Asp Val Asn Lys	
245 250 255	
atg gtt ttc atg gat tgg cga gat tct cat ttg aag aac aat act gat	816
Met Val Phe Met Asp Trp Arg Asp Ser His Leu Lys Asn Asn Thr Asp	
260 265 270	
ctc aag gag aga aat agt aga ata cca act ttt ctt tat gca atg cca	864
Leu Lys Glu Arg Asn Ser Arg Ile Pro Thr Phe Leu Tyr Ala Met Pro	
275 280 285	
ttt tca tcc aac agg ata ttt ctt gaa gaa aca tca ctc gta gct cgt	912
Phe Ser Ser Asn Arg Ile Phe Leu Glu Glu Thr Ser Leu Val Ala Arg	
290 295 300	
cct ggc ttg cgt ata gat gat att caa gaa cga atg gtg gct cgt tta	960
Pro Gly Leu Arg Ile Asp Asp Ile Gln Glu Arg Met Val Ala Arg Leu	
305 310 315 320	
aac cat ttg ggg ata aaa gtg aag agc att gaa gaa gat gaa cat tgt	1008
Asn His Leu Gly Ile Lys Val Lys Ser Ile Glu Glu Asp Glu His Cys	
325 330 335	
cta ata cca atg ggt ggt cca ctt cca gta tta cct cag aga gtc gtt	1056
Leu Ile Pro Met Gly Gly Pro Leu Pro Val Leu Pro Gln Arg Val Val	
340 345 350	
gga atc ggt ggt aca gct ggc atg gtt cat cca tcc acc ggt tat atg	1104
Gly Ile Gly Gly Thr Ala Gly Met Val His Pro Ser Thr Gly Tyr Met	
355 360 365	

DE 102 38 980 A1 2004.03.04

gtg gca agg aca cta gct gcg gct cct gtt gtt gcc aat gcc ata att	1152
Val Ala Arg Thr Leu Ala Ala Pro Val Val Ala Asn Ala Ile Ile	
370 375 380	
caa tac ctc ggt tct gaa aga agt cat tcg ggt aat gaa tta tcc aca	1200
Gln Tyr Leu Gly Ser Glu Arg Ser His Ser Gly Asn Glu Leu Ser Thr	
385 390 395 400	
gct gtt tgg aaa gat ttg tgg cct ata gag agg aga cgt caa aga gag	1248
Ala Val Trp Lys Asp Leu Trp Pro Ile Glu Arg Arg Arg Gln Arg Glu	
405 410 415	
ttc ttc tgc ttc ggt atg gat att ctt ctg aag ctt gat tta cct gct	1296
Phe Phe Cys Phe Gly Met Asp Ile Leu Leu Lys Leu Asp Leu Pro Ala	
420 425 430	
aca aga agg ttc ttt gat gca ttc ttt gac tta gaa cct cgt tat tgg	1344
Thr Arg Arg Phe Phe Asp Ala Phe Phe Asp Leu Glu Pro Arg Tyr Trp	
435 440 445	
cat ggc ttc tta tcg tct cga ttg ttt cta cct gaa ctc ata gtt ttt	1392
His Gly Phe Leu Ser Ser Arg Leu Phe Leu Pro Glu Leu Ile Val Phe	
450 455 460	
ggg ctg tct cta ttc tct cat gct tca aat act tct aga ttt gag ata	1440
Gly Leu Ser Leu Phe Ser His Ala Ser Asn Thr Ser Arg Phe Glu Ile	
465 470 475 480	
atg aca aag gga act gtt cca tta gta aat atg atc aac aat ttg tta	1488
Met Thr Lys Gly Thr Val Pro Leu Val Asn Met Ile Asn Asn Leu Leu	
485 490 495	
cag gat aaa gaa tga	1503
Gln Asp Lys Glu	
500	

<210> 20  
 <211> 500  
 <212> PRT  
 <213> Tomate

<400> 20

Met Asp Thr Leu Leu Lys Thr Pro Asn Asn Leu Glu Phe Leu Asn Pro
1 5 10 15

His His Gly Phe Ala Val Lys Ala Ser Thr Phe Arg Ser Glu Lys His
20 25 30

His Asn Phe Gly Ser Arg Lys Phe Cys Glu Thr Leu Gly Arg Ser Val
35 40 45

Cys Val Lys Gly Ser Ser Ser Ala Leu Leu Glu Leu Val Pro Glu Thr



50

55

60

Lys Lys Glu Asn Leu Asp Phe Glu Leu Pro Met Tyr Asp Pro Ser Lys  
65 70 75 80

Gly Val Val Val Asp Leu Ala Val Val Gly Gly Gly Pro Ala Gly Leu  
85 90 95

Ala Val Ala Gln Gln Val Ser Glu Ala Gly Leu Ser Val Cys Ser Ile  
100 105 110

Asp Pro Asn Pro Lys Leu Ile Trp Pro Asn Asn Tyr Gly Val Trp Val  
115 120 125

Asp Glu Phe Glu Ala Met Asp Leu Leu Asp Cys Leu Asp Ala Thr Trp  
130 135 140

Ser Gly Ala Ala Val Tyr Ile Asp Asp Asn Thr Ala Lys Asp Leu His  
145 150 155 160

Arg Pro Tyr Gly Arg Val Asn Arg Lys Gln Leu Lys Ser Lys Met Met  
165 170 175

Gln Lys Cys Ile Met Asn Gly Val Lys Phe His Gln Ala Lys Val Ile  
180 185 190

Lys Val Ile His Glu Glu Ser Lys Ser Met Leu Ile Cys Asn Asp Gly  
195 200 205

Ile Thr Ile Gln Ala Thr Val Val Leu Asp Ala Thr Gly Phe Ser Arg  
210 215 220

Ser Leu Val Gln Tyr Asp Lys Pro Tyr Asn Pro Gly Tyr Gln Val Ala  
225 230 235 240

Tyr Gly Ile Leu Ala Glu Val Glu Glu His Pro Phe Asp Val Asn Lys  
245 250 255

Met Val Phe Met Asp Trp Arg Asp Ser His Leu Lys Asn Asn Thr Asp  
260 265 270

Leu Lys Glu Arg Asn Ser Arg Ile Pro Thr Phe Leu Tyr Ala Met Pro  
275 280 285

Phe Ser Ser Asn Arg Ile Phe Leu Glu Glu Thr Ser Leu Val Ala Arg  
 290 295 300

Pro Gly Leu Arg Ile Asp Asp Ile Gln Glu Arg Met Val Ala Arg Leu  
 305 310 315 320

Asn His Leu Gly Ile Lys Val Lys Ser Ile Glu Glu Asp Glu His Cys  
 325 330 335

Leu Ile Pro Met Gly Gly Pro Leu Pro Val Leu Pro Gln Arg Val Val  
 340 345 350

Gly Ile Gly Gly Thr Ala Gly Met Val His Pro Ser Thr Gly Tyr Met  
 355 360 365

Val Ala Arg Thr Leu Ala Ala Ala Pro Val Val Ala Asn Ala Ile Ile  
 370 375 380

Gln Tyr Leu Gly Ser Glu Arg Ser His Ser Gly Asn Glu Leu Ser Thr  
 385 390 395 400

Ala Val Trp Lys Asp Leu Trp Pro Ile Glu Arg Arg Arg Gln Arg Glu  
 405 410 415

Phe Phe Cys Phe Gly Met Asp Ile Leu Leu Lys Leu Asp Leu Pro Ala  
 420 425 430

Thr Arg Arg Phe Phe Asp Ala Phe Phe Asp Leu Glu Pro Arg Tyr Trp  
 435 440 445

His Gly Phe Leu Ser Ser Arg Leu Phe Leu Pro Glu Leu Ile Val Phe  
 450 455 460

Gly Leu Ser Leu Phe Ser His Ala Ser Asn Thr Ser Arg Phe Glu Ile  
 465 470 475 480

Met Thr Lys Gly Thr Val Pro Leu Val Asn Met Ile Asn Asn Leu Leu  
 485 490 495

Gln Asp Lys Glu  
 500

<210> 21  
 <211> 195  
 <212> DNA  
 <213> Kartoffel

<220>  
 <221> Intron  
 <222> (1)..(195)  
 <223>

<400> 21  
 tacgtaagtt tctgcttcta cctttgatat atatataata attatcatta attagtagta 60  
 atataatatt tcaaataattt ttttcaaaat aaaagaatgt agtatatagc aattgctttt 120  
 ctgtagttta taagtgtgta tattttaatt tataactttt ctaatatatg accaaaaattt 180  
 gttgatgtgc agctg 195

<210> 22  
 <211> 1155  
 <212> DNA  
 <213> Haematococcus pluvialis

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (6)..(995)  
 <223>

<400> 22  
 gaagc atg cag cta gca gcg aca gta atg ttg gag cag ctt acc gga agc 50  
 Met Gln Leu Ala Ala Thr Val Met Leu Glu Gln Leu Thr Gly Ser  
 1 5 10 15  
 gct gag gca ctc aag gag aag gag aag gag gtt gca ggc agc tct gac 98  
 Ala Glu Ala Leu Lys Glu Lys Glu Lys Glu Val Ala Gly Ser Ser Asp  
 20 25 30  
 gtg ttg cgt aca tgg gcg acc cag tac tcg ctt ccg tca gag gag tca 146  
 Val Leu Arg Thr Trp Ala Thr Gln Tyr Ser Leu Pro Ser Glu Glu Ser  
 35 40 45  
 gac gcg gcc cgc ccg gga ctg aag aat gcc tac aag cca cca cct tcc 194  
 Asp Ala Ala Arg Pro Gly Leu Lys Asn Ala Tyr Lys Pro Pro Pro Ser  
 50 55 60  
 gac aca aag ggc atc aca atg gcg cta gct gtc atc ggc tcc tgg gcc 242  
 Asp Thr Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Ala Val Ile Gly Ser Trp Ala  
 65 70 75  
 gca gtg ttc ctc cac gcc att ttt caa atc aag ctt ccg acc tcc ttg 290  
 Ala Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile Lys Leu Pro Thr Ser Leu  
 80 85 90 95

gac cag ctg cac tgg ctg ccc gtg tca gat gcc aca gct cag ctg gtt Asp Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Asp Ala Thr Ala Gln Leu Val 100 105 110	338
agc ggc agc agc agc ctg ctg cac atc gtc gta gta ttc ttt gtc ctg Ser Gly Ser Ser Ser Leu Leu His Ile Val Val Val Phe Phe Val Leu 115 120 125	386
gag ttc ctg tac aca ggc ctt ttt atc acc acg cat gat gct atg cat Glu Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Thr His Asp Ala Met His 130 135 140	434
ggc acc atc gcc atg aga aac agg cag ctt aat gac ttc ttg ggc aga Gly Thr Ile Ala Met Arg Asn Arg Gln Leu Asn Asp Phe Leu Gly Arg 145 150 155	482
gta tgc atc tcc ttg tac gcc tgg ttt gat tac aac atg ctg cac cgc Val Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp Tyr Asn Met Leu His Arg 160 165 170 175	530
aag cat tgg gag cac cac aac cac act ggc gag gtg ggc aag gac cct Lys His Trp Glu His His Asn His Thr Gly Glu Val Gly Lys Asp Pro 180 185 190	578
gac ttc cac agg gga aac cct ggc att gtg ccc tgg ttt gcc agc ttc Asp Phe His Arg Gly Asn Pro Gly Ile Val Pro Trp Phe Ala Ser Phe 195 200 205	626
atg tcc agc tac atg tgc atg tgg cag ttt gcg cgc ctc gca tgg tgg Met Ser Ser Tyr Met Ser Met Trp Gln Phe Ala Arg Leu Ala Trp Trp 210 215 220	674
acg gtg gtc atg cag ctg ctg ggt gcg cca atg gcg aac ctg ctg gtg Thr Val Val Met Gln Leu Leu Gly Ala Pro Met Ala Asn Leu Leu Val 225 230 235	722
ttc atg gcg gcc gcg ccc atc ctg tcc gcc ttc cgc ttg ttc tac ttt Phe Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala Phe Arg Leu Phe Tyr Phe 240 245 250 255	770
ggc acg tac atg ccc cac aag cct gag cct ggc gcc gcg tca ggc tct Gly Thr Tyr Met Pro His Lys Pro Glu Pro Gly Ala Ala Ser Gly Ser 260 265 270	818
tca cca gcc gtc atg aac tgg tgg aag tgc cgc act agc cag gcg tcc Ser Pro Ala Val Met Asn Trp Trp Lys Ser Arg Thr Ser Gln Ala Ser 275 280 285	866
gac ctg gtc agc ttt ctg acc tgc tac cac ttc gac ctg cac tgg gag Asp Leu Val Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp Leu His Trp Glu 290 295 300	914
cac cac cgc tgg ccc ttt gcc ccc tgg tgg gag ctg ccc aac tgc cgc His His Arg Trp Pro Phe Ala Pro Trp Trp Glu Leu Pro Asn Cys Arg 305 310 315	962

cgc ctg tct ggc cga ggt ctg gtt cct gcc tag ctggacacac tgcagtgggc 1015  
 Arg Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val Pro Ala  
 320 325

cctgctgcca gctgggcatg cagggttgtgg caggactggg tgaggtgaaa agctgcaggc 1075

gctgctgccg gacacgctgc atgggctacc ctgtgtagct gccgccacta ggggaggggg 1135

tttgtagctg tcgagcttgc 1155

<210> 23

<211> 329

<212> PRT

<213> Haematococcus pluvialis

<400> 23

Met Gln Leu Ala Ala Thr Val Met Leu Glu Gln Leu Thr Gly Ser Ala  
 1 5 10 15

Glu Ala Leu Lys Glu Lys Glu Lys Glu Val Ala Gly Ser Ser Asp Val  
 20 25 30

Leu Arg Thr Trp Ala Thr Gln Tyr Ser Leu Pro Ser Glu Glu Ser Asp  
 35 40 45

Ala Ala Arg Pro Gly Leu Lys Asn Ala Tyr Lys Pro Pro Pro Ser Asp  
 50 55 60

Thr Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Ala Val Ile Gly Ser Trp Ala Ala  
 65 70 75 80

Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile Lys Leu Pro Thr Ser Leu Asp  
 85 90 95

Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Asp Ala Thr Ala Gln Leu Val Ser  
 100 105 110

Gly Ser Ser Ser Leu Leu His Ile Val Val Val Phe Phe Val Leu Glu  
 115 120 125

Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Thr His Asp Ala Met His Gly  
 130 135 140

Thr Ile Ala Met Arg Asn Arg Gln Leu Asn Asp Phe Leu Gly Arg Val  
 145 150 155 160

Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp Tyr Asn Met Leu His Arg Lys  
 165 170 175

His Trp Glu His His Asn His Thr Gly Glu Val Gly Lys Asp Pro Asp  
 180 185 190

Phe His Arg Gly Asn Pro Gly Ile Val Pro Trp Phe Ala Ser Phe Met  
 195 200 205

Ser Ser Tyr Met Ser Met Trp Gln Phe Ala Arg Leu Ala Trp Trp Thr  
 210 215 220

Val Val Met Gln Leu Leu Gly Ala Pro Met Ala Asn Leu Leu Val Phe  
 225 230 235 240

Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala Phe Arg Leu Phe Tyr Phe Gly  
 245 250 255

Thr Tyr Met Pro His Lys Pro Glu Pro Gly Ala Ala Ser Gly Ser Ser  
 260 265 270

Pro Ala Val Met Asn Trp Trp Lys Ser Arg Thr Ser Gln Ala Ser Asp  
 275 280 285

Leu Val Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp Leu His Trp Glu His  
 290 295 300

His Arg Trp Pro Phe Ala Pro Trp Trp Glu Leu Pro Asn Cys Arg Arg  
 305 310 315 320

Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val Pro Ala  
 325

<210> 24  
 <211> 1111  
 <212> DNA  
 <213> Haematococcus pluvialis

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (4)..(951)  
 <223>

<400> 24

## DE 102 38 980 A1 2004.03.04

tgc atg cta gag gca ctc aag gag aag gag aag gag gtt gca ggc agc Met Leu Glu Ala Leu Lys Glu Lys Glu Lys Glu Val Ala Gly Ser 1 5 10 15	48
tct gac gtg ttg cgt aca tgg gcg acc cag tac tcg ctt ccg tca gaa Ser Asp Val Leu Arg Thr Trp Ala Thr Gln Tyr Ser Leu Pro Ser Glu 20 25 30	96
gag tca gac gcg gcc cgc ccg gga ctg aag aat gcc tac aag cca cca Glu Ser Asp Ala Ala Arg Pro Gly Leu Lys Asn Ala Tyr Lys Pro Pro 35 40 45	144
cct tcc gac aca aag ggc atc aca atg gcg cta gct gtc atc ggc tcc Pro Ser Asp Thr Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Ala Val Ile Gly Ser 50 55 60	192
tgg gcc gca gtg ttc ctc cac gcc att ttt caa atc aag ctt ccg acc Trp Ala Ala Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile Lys Leu Pro Thr 65 70 75	240
tcc ttg gac cag ctg cac tgg ctg ccc gtg tca gat gcc aca gct cag Ser Leu Asp Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Asp Ala Thr Ala Gln 80 85 90 95	288
ctg gtt agc ggc agc agc agc ctg ctg cac atc gtc gta gta ttc ttt Leu Val Ser Gly Ser Ser Ser Leu Leu His Ile Val Val Val Phe Phe 100 105 110	336
gtc ctg gag ttc ctg tac aca ggc ctt ttt atc acc acg cat gat gct Val Leu Glu Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Thr His Asp Ala 115 120 125	384
atg cat ggc acc atc gcc atg aga aac agg cag ctt aat gac ttc ttg Met His Gly Thr Ile Ala Met Arg Asn Arg Gln Leu Asn Asp Phe Leu 130 135 140	432
ggc aga gta tgc atc tcc ttg tac gcc tgg ttt gat tac aac atg ctg Gly Arg Val Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp Tyr Asn Met Leu 145 150 155	480
cac cgc aag cat tgg gag cac cac aac cac act ggc gag gtg ggc aag His Arg Lys His Trp Glu His His Asn His Thr Gly Glu Val Gly Lys 160 165 170 175	528
gac cct gac ttc cac agg gga aac cct ggc att gtg ccc tgg ttt gcc Asp Pro Asp Phe His Arg Gly Asn Pro Gly Ile Val Pro Trp Phe Ala 180 185 190	576
agc ttc atg tcc agc tac atg tcg atg tgg cag ttt gcg cgc ctc gca Ser Phe Met Ser Ser Tyr Met Ser Met Trp Gln Phe Ala Arg Leu Ala 195 200 205	624
tgg tgg acg gtg gtc atg cag ctg ctg ggt gcg cca atg gcg aac ctg Trp Trp Thr Val Val Met Gln Leu Leu Gly Ala Pro Met Ala Asn Leu 210 215 220	672
ctg gtg ttc atg gcg gcc gcg ccc atc ctg tcc gcc ttc cgc ttg ttc	720

Leu Val Phe Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala Phe Arg Leu Phe  
 225 230 235  
 tac ttt ggc acg tac atg ccc cac aag cct gag cct ggc gcc gcg tca 768  
 Tyr Phe Gly Thr Tyr Met Pro His Lys Pro Glu Pro Gly Ala Ala Ser  
 240 245 250 255  
 ggc tct tca cca gcc gtc atg aac tgg tgg aag tcg cgc act agc cag 816  
 Gly Ser Ser Pro Ala Val Met Asn Trp Trp Lys Ser Arg Thr Ser Gln  
 260 265 270  
 gcg tcc gac ctg gtc agc ttt ctg acc tgc tac cac ttc gac ctg cac 864  
 Ala Ser Asp Leu Val Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp Leu His  
 275 280 285  
 tgg gag cac cac cgc tgg ccc ttc gcc ccc tgg tgg gag ctg ccc aac 912  
 Trp Glu His His Arg Trp Pro Phe Ala Pro Trp Trp Glu Leu Pro Asn  
 290 295 300  
 tgc cgc cgc ctg tct ggc cga ggt ctg gtt cct gcc tag ctggacacac 961  
 Cys Arg Arg Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val Pro Ala  
 305 310 315  
 tgcagtgggc cctgctgcca gctgggcatg caggttgtgg caggactggg tgaggtgaaa 1021  
 agctgcaggc gctgctgccg gacacgttgc atgggctacc ctgtgtagct gccgccacta 1081  
 ggggagggggg tttgtagctg tcgagcttgc 1111  
  
 <210> 25  
 <211> 315  
 <212> PRT  
 <213> Haematococcus pluvialis  
  
 <400> 25  
  
 Met Leu Glu Ala Leu Lys Glu Lys Glu Lys Glu Val Ala Gly Ser Ser  
 1 5 10 15  
  
 Asp Val Leu Arg Thr Trp Ala Thr Gln Tyr Ser Leu Pro Ser Glu Glu  
 20 25 30  
  
 Ser Asp Ala Ala Arg Pro Gly Leu Lys Asn Ala Tyr Lys Pro Pro Pro  
 35 40 45  
  
 Ser Asp Thr Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Ala Val Ile Gly Ser Trp  
 50 55 60  
  
 Ala Ala Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile Lys Leu Pro Thr Ser  
 65 70 75 80



Leu Asp Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Asp Ala Thr Ala Gln Leu  
 85 90 95

Val Ser Gly Ser Ser Ser Leu Leu His Ile Val Val Val Phe Phe Val  
 100 105 110

Leu Glu Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Thr His Asp Ala Met  
 115 120 125

His Gly Thr Ile Ala Met Arg Asn Arg Gln Leu Asn Asp Phe Leu Gly  
 130 135 140

Arg Val Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp Tyr Asn Met Leu His  
 145 150 155 160

Arg Lys His Trp Glu His His Asn His Thr Gly Glu Val Gly Lys Asp  
 165 170 175

Pro Asp Phe His Arg Gly Asn Pro Gly Ile Val Pro Trp Phe Ala Ser  
 180 185 190

Phe Met Ser Ser Tyr Met Ser Met Trp Gln Phe Ala Arg Leu Ala Trp  
 195 200 205

Trp Thr Val Val Met Gln Leu Leu Gly Ala Pro Met Ala Asn Leu Leu  
 210 215 220

Val Phe Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala Phe Arg Leu Phe Tyr  
 225 230 235 240

Phe Gly Thr Tyr Met Pro His Lys Pro Glu Pro Gly Ala Ala Ser Gly  
 245 250 255

Ser Ser Pro Ala Val Met Asn Trp Trp Lys Ser Arg Thr Ser Gln Ala  
 260 265 270

Ser Asp Leu Val Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp Leu His Trp  
 275 280 285

Glu His His Arg Trp Pro Phe Ala Pro Trp Trp Glu Leu Pro Asn Cys  
 290 295 300

Arg Arg Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val Pro Ala

305

310

315

<210> 26  
 <211> 1031  
 <212> DNA  
 <213> Haematococcus pluvialis

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (6)..(1031)  
 <223>

<400> 26  
 gaagc atg cag cta gca gcg aca gta atg ttg gag cag ctt acc gga agc 50  
 Met Gln Leu Ala Ala Thr Val Met Leu Glu Gln Leu Thr Gly Ser  
 1 5 10 15

gct gag gca ctc aag gag aag gag aag gag gtt gca ggc agc tct gac 98  
 Ala Glu Ala Leu Lys Glu Lys Glu Lys Glu Val Ala Gly Ser Ser Asp  
 20 25 30

gtg ttg cgt aca tgg gcg acc cag tac tcg ctt ccg tca gag gag tca 146  
 Val Leu Arg Thr Trp Ala Thr Gln Tyr Ser Leu Pro Ser Glu Glu Ser  
 35 40 45

gac gcg gcc cgc ccg gga ctg aag aat gcc tac aag cca cca cct tcc 194  
 Asp Ala Ala Arg Pro Gly Leu Lys Asn Ala Tyr Lys Pro Pro Pro Ser  
 50 55 60

gac aca aag ggc atc aca atg gcg cta gct gtc atc ggc tcc tgg gct 242  
 Asp Thr Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Ala Val Ile Gly Ser Trp Ala  
 65 70 75

gca gtg ttc ctc cac gcc att ttt caa atc aag ctt ccg acc tcc ttg 290  
 Ala Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile Lys Leu Pro Thr Ser Leu  
 80 85 90 95

gac cag ctg cac tgg ctg ccc gtg tca gat gcc aca gct cag ctg gtt 338  
 Asp Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Asp Ala Thr Ala Gln Leu Val  
 100 105 110

agc ggc agc agc agc ctg ctg cac atc gtc gta gta ttc ttt gtc ctg 386  
 Ser Gly Ser Ser Ser Leu Leu His Ile Val Val Val Phe Phe Val Leu  
 115 120 125

gag ttc ctg tac aca ggc ctt ttt atc acc acg cat gat gct atg cat 434  
 Glu Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Thr His Asp Ala Met His  
 130 135 140

ggc acc atc gcc atg aga aac agg cag ctt aat gac ttc ttg ggc aga 482  
 Gly Thr Ile Ala Met Arg Asn Arg Gln Leu Asn Asp Phe Leu Gly Arg  
 145 150 155

gta tgc atc tcc ttg tac gcc tgg ttt gat tac aac atg ctg cac cgc 530  
 Val Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp Tyr Asn Met Leu His Arg

## DE 102 38 980 A1 2004.03.04

160	165	170	175	
aag cat tgg gag cac cac aac cac act ggc gag gtg ggc aag gac cct				578
Lys His Trp Glu His His Asn His Thr Gly Glu Val Gly Lys Asp Pro	180	185	190	
gac ttc cac agg gga aac cct ggc att gtg ccc tgg ttt gcc agc ttc				626
Asp Phe His Arg Gly Asn Pro Gly Ile Val Pro Trp Phe Ala Ser Phe	195	200	205	
atg tcc agc tac atg tcg atg tgg cag ttt gcg cgc ctc gca tgg tgg				674
Met Ser Ser Tyr Met Ser Met Trp Gln Phe Ala Arg Leu Ala Trp Trp	210	215	220	
acg gtg gtc atg cag ctg ctg ggt gcg cca atg gcg aac ctg ctg gtg				722
Thr Val Val Met Gln Leu Leu Gly Ala Pro Met Ala Asn Leu Leu Val	225	230	235	
ttc atg gcg gcc gcg ccc atc ctg tcc gcc ttc cgc ttg ttc tac ttt				770
Phe Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala Phe Arg Leu Phe Tyr Phe	240	245	250	255
ggc acg tac atg ccc cac aag cct gag cct ggc gcc gcg tca ggc tct				818
Gly Thr Tyr Met Pro His Lys Pro Glu Pro Gly Ala Ala Ser Gly Ser	260	265	270	
tca cca gcc gtc atg aac tgg tgg aag tcg cgc act agc cag gcg tcc				866
Ser Pro Ala Val Met Asn Trp Trp Lys Ser Arg Thr Ser Gln Ala Ser	275	280	285	
gac ctg gtc agc ttt ctg acc tgc tac cac ttc gac ctg cac tgg gag				914
Asp Leu Val Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp Leu His Trp Glu	290	295	300	
cac cac cgc tgg ccc ttt gcc ccc tgg tgg gag ctg ccc aac tgc cgc				962
His His Arg Trp Pro Phe Ala Pro Trp Trp Glu Leu Pro Asn Cys Arg	305	310	315	
cgc ctg tct ggc cga ggt ctg gtt cct gcc gag caa aaa ctc atc tca				1010
Arg Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val Pro Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser	320	325	330	335
gaa gag gat ctg aat agc tag				1031
Glu Glu Asp Leu Asn Ser	340			

<210> 27  
 <211> 341  
 <212> PRT  
 <213> Haematococcus pluvialis

<400> 27

Met Gln Leu Ala Ala Thr Val Met Leu Glu Gln Leu Thr Gly Ser Ala
1 5 10 15

DE 102 38 980 A1 2004.03.04

Glu	Ala	Leu	Lys	Glu	Lys	Glu	Lys	Glu	Val	Ala	Gly	Ser	Ser	Asp	Val
			20					25					30		
Leu	Arg	Thr	Trp	Ala	Thr	Gln	Tyr	Ser	Leu	Pro	Ser	Glu	Glu	Ser	Asp
		35					40					45			
Ala	Ala	Arg	Pro	Gly	Leu	Lys	Asn	Ala	Tyr	Lys	Pro	Pro	Pro	Ser	Asp
	50					55					60				
Thr	Lys	Gly	Ile	Thr	Met	Ala	Leu	Ala	Val	Ile	Gly	Ser	Trp	Ala	Ala
65					70					75					80
Val	Phe	Leu	His	Ala	Ile	Phe	Gln	Ile	Lys	Leu	Pro	Thr	Ser	Leu	Asp
				85					90					95	
Gln	Leu	His	Trp	Leu	Pro	Val	Ser	Asp	Ala	Thr	Ala	Gln	Leu	Val	Ser
			100					105					110		
Gly	Ser	Ser	Ser	Leu	Leu	His	Ile	Val	Val	Val	Phe	Phe	Val	Leu	Glu
		115					120					125			
Phe	Leu	Tyr	Thr	Gly	Leu	Phe	Ile	Thr	Thr	His	Asp	Ala	Met	His	Gly
	130					135					140				
Thr	Ile	Ala	Met	Arg	Asn	Arg	Gln	Leu	Asn	Asp	Phe	Leu	Gly	Arg	Val
145					150					155					160
Cys	Ile	Ser	Leu	Tyr	Ala	Trp	Phe	Asp	Tyr	Asn	Met	Leu	His	Arg	Lys
				165					170					175	
His	Trp	Glu	His	His	Asn	His	Thr	Gly	Glu	Val	Gly	Lys	Asp	Pro	Asp
			180					185					190		
Phe	His	Arg	Gly	Asn	Pro	Gly	Ile	Val	Pro	Trp	Phe	Ala	Ser	Phe	Met
		195					200					205			
Ser	Ser	Tyr	Met	Ser	Met	Trp	Gln	Phe	Ala	Arg	Leu	Ala	Trp	Trp	Thr
	210					215					220				
Val	Val	Met	Gln	Leu	Leu	Gly	Ala	Pro	Met	Ala	Asn	Leu	Leu	Val	Phe
225					230					235					240

Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala Phe Arg Leu Phe Tyr Phe Gly  
245 250 255

Thr Tyr Met Pro His Lys Pro Glu Pro Gly Ala Ala Ser Gly Ser Ser  
260 265 270

Pro Ala Val Met Asn Trp Trp Lys Ser Arg Thr Ser Gln Ala Ser Asp  
275 280 285

Leu Val Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp Leu His Trp Glu His  
290 295 300

His Arg Trp Pro Phe Ala Pro Trp Trp Glu Leu Pro Asn Cys Arg Arg  
305 310 315 320

Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val Pro Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu  
325 330 335

Glu Asp Leu Asn Ser  
340

<210> 28  
<211> 777  
<212> DNA  
<213> Arabidopsis thaliana

<220>  
<221> promoter  
<222> (1)..(777)  
<223>

<400> 28  
gagctcactc actgatttcc attgcttgaa aattgatgat gaactaagat caatccatgt 60  
tagtttcaaa acaacagtaa ctgtggccaa cttagttttg aaacaacact aactggtcga 120  
agcaaaaaga aaaaagagtt tcatcatata tctgatttga tggactgttt ggagtttagga 180  
ccaaacatta tctacaaaca aagacttttc tcttaacttg tgattccttc ttaaacccta 240  
ggggtaatat tctattttcc aaggatcttt agttaaggc aaatccggga aattattgta 300  
atcatttggg gaaacatata aaagatttga gttagatgga agtgacgatt aatccaaaca 360  
tatatatctc tttctttctta tttcccaaat taacagacaa agtagaata ttggctttta 420  
acaccaatat aaaaacttgc ttcacaccta aacacttttg tttacttttag ggtaagtgc 480  
aaaagccaac caaatccacc tgcactgatt tgacgtttac aaacgccgtt aagtcgatgt 540

cogttgattt aaacagtgtc ttgtaattaa aaaaatcagt ttacataaat ggaaaattta 600  
 tcacttagtt ttcatcaact tctgaactta cctttcatgg attaggcaat actttccatt 660  
 tttagtaact caagtggacc ctttacttct tcaactccat ctctctcttt ctatttcact 720  
 tctttcttct cattatatct cttgtcctct ccaccaaate tcttcaacaa aaagctt 777

<210> 29  
 <211> 22  
 <212> DNA  
 <213> kuenstlich

<220>  
 <221> primer\_bind  
 <222> (1)..(22)  
 <223>

<400> 29  
 gcaagctcga cagctacaaa cc 22

<210> 30  
 <211> 24  
 <212> DNA  
 <213> kuenstlich

<220>  
 <221> primer\_bind  
 <222> (1)..(24)  
 <223>

<400> 30  
 gaagcatgca gctagcagcg acag 24

<210> 31  
 <211> 30  
 <212> DNA  
 <213> kuenstlich

<220>  
 <221> primer\_bind  
 <222> (1)..(30)  
 <223>

<400> 31  
 tgcattgctag aggcaactcaa ggagaaggag 30

<210> 32  
 <211> 59

<212> DNA  
<213> kuenstlich

<220>  
<221> primer\_bind  
<222> (1)..(59)  
<223>

<400> 32  
ctagctattc agatcctctt ctgagatgag tttttgctcg gcaggaacca gacctcggc 59

<210> 33  
<211> 28  
<212> DNA  
<213> kuenstlich

<220>  
<221> primer\_bind  
<222> (1)..(28)  
<223>

<400> 33  
gagctcactc actgatttcc attgcttg 28

<210> 34  
<211> 37  
<212> DNA  
<213> kuenstlich

<220>  
<221> primer\_bind  
<222> (1)..(37)  
<223>

<400> 34  
cgccgттааg tcgatgtccg ttgatttaaa cagtgtc 37

<210> 35  
<211> 34  
<212> DNA  
<213> kuenstlich

<220>  
<221> primer\_bind  
<222> (1)..(34)  
<223>

<400> 35  
atcaacggac atcgacttaa cggcgттtgt aaac 34

<210> 36  
 <211> 25  
 <212> DNA  
 <213> kuenstlich

<220>  
 <221> primer\_bind  
 <222> (1)..(25)  
 <223>

<400> 36  
 taagcttttt gttgaagaga tttgg

25

<210> 37  
 <211> 212  
 <212> DNA  
 <213> Kuenstliche Sequenz

<220>  
 <221> Intron  
 <222> (1)..(212)  
 <223>

<400> 37  
 gtcgactacg taagtttctg cttctacott tgatatatat ataataatta tcattaatta 60  
 gtagtaatat aatatttcaa atattttttt caaaataaaa gaatgtagta tatagcaatt 120  
 gcttttctgt agtttataag tgtgtatatt ttaatttata acttttctaa tatatgacca 180  
 aaatttggtg atgtgcaggt atcaccggat cc 212

<210> 38  
 <211> 1830  
 <212> DNA  
 <213> Tagetes erecta

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (141)..(1691)  
 <223>

<400> 38  
 ggcacgaggc aaagcaaagg ttgtttgttg ttgttggtga gagacactcc aatccaaaca 60  
 gatacaaggc gtgactggat atttctctct cgttcctaac aacagcaacg aagaagaaaa 120  
 agaatcatta ctaacaatca atg agt atg aga gct gga cac atg acg gca aca 173  
 Met Ser Met Arg Ala Gly His Met Thr Ala Thr  
 1 5 10



atg gcg gct ttt aca tgc cct agg ttt atg act agc atc aga tac acg	221
Met Ala Ala Phe Thr Cys Pro Arg Phe Met Thr Ser Ile Arg Tyr Thr	
15 20 25	
aag caa att aag tgc aac gct gct aaa agc cag cta gtc gtt aaa caa	269
Lys Gln Ile Lys Cys Asn Ala Ala Lys Ser Gln Leu Val Val Lys Gln	
30 35 40	
gag att gag gag gaa gaa gat tat gtg aaa gcc ggt gga tcg gag ctg	317
Glu Ile Glu Glu Glu Glu Asp Tyr Val Lys Ala Gly Gly Ser Glu Leu	
45 50 55	
ctt ttt gtt caa atg caa cag aat aag tcc atg gat gca cag tct agc	365
Leu Phe Val Gln Met Gln Gln Asn Lys Ser Met Asp Ala Gln Ser Ser	
60 65 70 75	
cta tcc caa aag ctc cca agg gta cca ata gga gga gga gga gac agt	413
Leu Ser Gln Lys Leu Pro Arg Val Pro Ile Gly Gly Gly Gly Asp Ser	
80 85 90	
aac tgt ata ctg gat ttg gtt gta att ggt tgt ggt cct gct ggc ctt	461
Asn Cys Ile Leu Asp Leu Val Val Ile Gly Cys Gly Pro Ala Gly Leu	
95 100 105	
gct ctt gct gga gaa tca gcc aag cta ggc ttg aat gtc gca ctt atc	509
Ala Leu Ala Gly Glu Ser Ala Lys Leu Gly Leu Asn Val Ala Leu Ile	
110 115 120	
ggc cct gat ctt cct ttt aca aat aac tat ggt gtt tgg gag gat gaa	557
Gly Pro Asp Leu Pro Phe Thr Asn Asn Tyr Gly Val Trp Glu Asp Glu	
125 130 135	
ttt ata ggt ctt gga ctt gag ggc tgt att gaa cat gtt tgg cga gat	605
Phe Ile Gly Leu Gly Leu Glu Gly Cys Ile Glu His Val Trp Arg Asp	
140 145 150 155	
act gta gta tat ctt gat gac aac gat ccc att ctc ata ggt cgt gcc	653
Thr Val Val Tyr Leu Asp Asp Asn Asp Pro Ile Leu Ile Gly Arg Ala	
160 165 170	
tat gga cga gtt agt cgt gat tta ctt cac gag gag ttg ttg act agg	701
Tyr Gly Arg Val Ser Arg Asp Leu Leu His Glu Glu Leu Leu Thr Arg	
175 180 185	
tgc atg gag tca ggc gtt tca tat ctg agc tcc aaa gtg gaa cgg att	749
Cys Met Glu Ser Gly Val Ser Tyr Leu Ser Ser Lys Val Glu Arg Ile	
190 195 200	
act gaa gct cca aat ggc cta agt ctc ata gag tgt gaa ggc aat atc	797
Thr Glu Ala Pro Asn Gly Leu Ser Leu Ile Glu Cys Glu Gly Asn Ile	
205 210 215	
aca att cca tgc agg ctt gct act gtc gct tct gga gca gct tct gga	845
Thr Ile Pro Cys Arg Leu Ala Thr Val Ala Ser Gly Ala Ala Ser Gly	
220 225 230 235	
aaa ctt ttg cag tat gaa ctt ggc ggt ccc cgt gtt tgc gtt caa aca	893

## DE 102 38 980 A1 2004.03.04

Lys Leu Leu Gln Tyr Glu Leu Gly Gly Pro Arg Val Cys Val Gln Thr	
240 245 250	
gct tat ggt ata gag gtt gag gtt gaa agc ata ccc tat gat cca agc	941
Ala Tyr Gly Ile Glu Val Glu Val Glu Ser Ile Pro Tyr Asp Pro Ser	
255 260 265	
cta atg gtt ttc atg gat tat aga gac tac acc aaa cat aaa tct caa	989
Leu Met Val Phe Met Asp Tyr Arg Asp Tyr Thr Lys His Lys Ser Gln	
270 275 280	
tca cta gaa gca caa tat cca aca ttt ttg tat gtc atg cca atg tct	1037
Ser Leu Glu Ala Gln Tyr Pro Thr Phe Leu Tyr Val Met Pro Met Ser	
285 290 295	
cca act aaa gta ttc ttt gag gaa act tgt ttg gct tca aaa gag gcc	1085
Pro Thr Lys Val Phe Phe Glu Glu Thr Cys Leu Ala Ser Lys Glu Ala	
300 305 310 315	
atg cct ttt gag tta ttg aag aca aaa ctc atg tca aga tta aag act	1133
Met Pro Phe Glu Leu Leu Lys Thr Lys Leu Met Ser Arg Leu Lys Thr	
320 325 330	
atg ggg atc cga ata acc aaa act tat gaa gag gaa tgg tca tat att	1181
Met Gly Ile Arg Ile Thr Lys Thr Tyr Glu Glu Glu Trp Ser Tyr Ile	
335 340 345	
cca gta ggt gga tcc tta cca aat acc gag caa aag aac ctt gca ttt	1229
Pro Val Gly Gly Ser Leu Pro Asn Thr Glu Gln Lys Asn Leu Ala Phe	
350 355 360	
ggg gct gct gct agc atg gtg cat cca gcc aca gga tat tcg gtt gta	1277
Gly Ala Ala Ala Ser Met Val His Pro Ala Thr Gly Tyr Ser Val Val	
365 370 375	
aga tca ctg tca gaa gct cct aat tat gca gca gta att gca aag att	1325
Arg Ser Leu Ser Glu Ala Pro Asn Tyr Ala Ala Val Ile Ala Lys Ile	
380 385 390 395	
tta ggg aaa gga aat tca aaa cag atg ctt gat cat gga aga tac aca	1373
Leu Gly Lys Gly Asn Ser Lys Gln Met Leu Asp His Gly Arg Tyr Thr	
400 405 410	
acc aac atc tca aag caa gct tgg gaa aca ctt tgg ccc ctt gaa agg	1421
Thr Asn Ile Ser Lys Gln Ala Trp Glu Thr Leu Trp Pro Leu Glu Arg	
415 420 425	
aaa aga cag aga gca ttc ttt ctc ttt gga tta gca ctg att gtc cag	1469
Lys Arg Gln Arg Ala Phe Phe Leu Phe Gly Leu Ala Leu Ile Val Gln	
430 435 440	
atg gat att gag ggg acc cgc aca ttc ttc cgg act ttc ttc cgc ttg	1517
Met Asp Ile Glu Gly Thr Arg Thr Phe Phe Arg Thr Phe Phe Arg Leu	
445 450 455	
ccc aca tgg atg tgg tgg ggg ttt ctt gga tct tcg tta tca tca act	1565
Pro Thr Trp Met Trp Trp Gly Phe Leu Gly Ser Ser Leu Ser Ser Thr	

460	465	470	475	
gac ttg ata ata ttt gcg ttt tac atg ttt atc ata gca ccg cat agc				1613
Asp Leu Ile Ile Phe Ala Phe Tyr Met Phe Ile Ile Ala Pro His Ser				
	480	485	490	
ctg aga atg ggt ctg gtt aga cat ttg ctt tct gac ccg aca gga gga				1661
Leu Arg Met Gly Leu Val Arg His Leu Leu Ser Asp Pro Thr Gly Gly				
	495	500	505	
aca atg tta aaa gcg tat ctc acg ata taa ataactctag tcgcatcag				1711
Thr Met Leu Lys Ala Tyr Leu Thr Ile				
	510	515		
tttagattat aggcacatct tgcatatata tatgtataaa ccttatgtgt gctgtatcct				1771
tacatcaaca cagtcattaa ttgtatttct tggggtaatg ctgatgaagt attttctgg				1830
<210> 39				
<211> 516				
<212> PRT				
<213> Tagetes erecta				
<400> 39				
Met Ser Met Arg Ala Gly His Met Thr Ala Thr Met Ala Ala Phe Thr				
1	5	10	15	
Cys Pro Arg Phe Met Thr Ser Ile Arg Tyr Thr Lys Gln Ile Lys Cys				
	20	25	30	
Asn Ala Ala Lys Ser Gln Leu Val Val Lys Gln Glu Ile Glu Glu Glu				
	35	40	45	
Glu Asp Tyr Val Lys Ala Gly Gly Ser Glu Leu Leu Phe Val Gln Met				
	50	55	60	
Gln Gln Asn Lys Ser Met Asp Ala Gln Ser Ser Leu Ser Gln Lys Leu				
65	70	75	80	
Pro Arg Val Pro Ile Gly Gly Gly Gly Asp Ser Asn Cys Ile Leu Asp				
	85	90	95	
Leu Val Val Ile Gly Cys Gly Pro Ala Gly Leu Ala Leu Ala Gly Glu				
	100	105	110	
Ser Ala Lys Leu Gly Leu Asn Val Ala Leu Ile Gly Pro Asp Leu Pro				
	115	120	125	

Phe Thr Asn Asn Tyr Gly Val Trp Glu Asp Glu Phe Ile Gly Leu Gly  
 130 135 140

Leu Glu Gly Cys Ile Glu His Val Trp Arg Asp Thr Val Val Tyr Leu  
 145 150 155 160

Asp Asp Asn Asp Pro Ile Leu Ile Gly Arg Ala Tyr Gly Arg Val Ser  
 165 170 175

Arg Asp Leu Leu His Glu Glu Leu Leu Thr Arg Cys Met Glu Ser Gly  
 180 185 190

Val Ser Tyr Leu Ser Ser Lys Val Glu Arg Ile Thr Glu Ala Pro Asn  
 195 200 205

Gly Leu Ser Leu Ile Glu Cys Glu Gly Asn Ile Thr Ile Pro Cys Arg  
 210 215 220

Leu Ala Thr Val Ala Ser Gly Ala Ala Ser Gly Lys Leu Leu Gln Tyr  
 225 230 235 240

Glu Leu Gly Gly Pro Arg Val Cys Val Gln Thr Ala Tyr Gly Ile Glu  
 245 250 255

Val Glu Val Glu Ser Ile Pro Tyr Asp Pro Ser Leu Met Val Phe Met  
 260 265 270

Asp Tyr Arg Asp Tyr Thr Lys His Lys Ser Gln Ser Leu Glu Ala Gln  
 275 280 285

Tyr Pro Thr Phe Leu Tyr Val Met Pro Met Ser Pro Thr Lys Val Phe  
 290 295 300

Phe Glu Glu Thr Cys Leu Ala Ser Lys Glu Ala Met Pro Phe Glu Leu  
 305 310 315 320

Leu Lys Thr Lys Leu Met Ser Arg Leu Lys Thr Met Gly Ile Arg Ile  
 325 330 335

Thr Lys Thr Tyr Glu Glu Glu Trp Ser Tyr Ile Pro Val Gly Gly Ser  
 340 345 350

Leu Pro Asn Thr Glu Gln Lys Asn Leu Ala Phe Gly Ala Ala Ala Ser  
 355 360 365

Met Val His Pro Ala Thr Gly Tyr Ser Val Val Arg Ser Leu Ser Glu  
 370 375 380

Ala Pro Asn Tyr Ala Ala Val Ile Ala Lys Ile Leu Gly Lys Gly Asn  
 385 390 395 400

Ser Lys Gln Met Leu Asp His Gly Arg Tyr Thr Thr Asn Ile Ser Lys  
 405 410 415

Gln Ala Trp Glu Thr Leu Trp Pro Leu Glu Arg Lys Arg Gln Arg Ala  
 420 425 430

Phe Phe Leu Phe Gly Leu Ala Leu Ile Val Gln Met Asp Ile Glu Gly  
 435 440 445

Thr Arg Thr Phe Phe Arg Thr Phe Phe Arg Leu Pro Thr Trp Met Trp  
 450 455 460

Trp Gly Phe Leu Gly Ser Ser Leu Ser Ser Thr Asp Leu Ile Ile Phe  
 465 470 475 480

Ala Phe Tyr Met Phe Ile Ile Ala Pro His Ser Leu Arg Met Gly Leu  
 485 490 495

Val Arg His Leu Leu Ser Asp Pro Thr Gly Gly Thr Met Leu Lys Ala  
 500 505 510

Tyr Leu Thr Ile  
 515

<210> 40  
 <211> 445  
 <212> DNA  
 <213> Tagetes erecta

<220>  
 <221> Sense Fragment  
 <222> (1)..(445)  
 <223>

<400> 40  
 aagcttgac gaggc aaaggttggt tgttggtgtt gttgagagac actccaatcc

60

```

aaacagatac aaggcgtgac tggatatttc tctctcgttc ctaacaacag caacgaagaa      120
gaaaaagaat cattactaac aatcaatgag tatgagagct ggacacatga cggcaacaat      180
ggcggctttt acatgcccta ggtttatgac tagcatcaga tacacgaagc aaattaagtg      240
caacgctgct aaaagccagc tagtcgttaa acaagagatt gaggaggaag aagattatgt      300
gaaagccggt ggatcggagc tgctttttgt tcaaatacaa cagaataagt ccatggatgc      360
acagtctagc ctatcccaaa agctcccaag ggtaccaata ggaggaggag gagacagtaa      420
ctgtatactg gatttggttg tcgac                                             445

```

```

<210> 41
<211> 446
<212> DNA
<213> Tagetes erecta

```

```

<220>
<221> Antisense Fragment
<222> (1)..(446)
<223>

```

```

<400> 41
gaattcgcac gaggcaaagc aaagggtggt tgttggtggt gttgagagac actccaatcc      60
aaacagatac aaggcgtgac tggatatttc tctctcgttc ctaacaacag caacgaagaa      120
gaaaaagaat cattactaac aatcaatgag tatgagagct ggacacatga cggcaacaat      180
ggcggctttt acatgcccta ggtttatgac tagcatcaga tacacgaagc aaattaagtg      240
caacgctgct aaaagccagc tagtcgttaa acaagagatt gaggaggaag aagattatgt      300
gaaagccggt ggatcggagc tgctttttgt tcaaatacaa cagaataagt ccatggatgc      360
acagtctagc ctatcccaaa agctcccaag ggtaccaata ggaggaggag gagacagtaa      420
ctgtatactg gatttggttg gatcct                                             446

```

```

<210> 42
<211> 393
<212> DNA
<213> Tagetes erecta

```

```

<220>
<221> Sense Fragment
<222> (1)..(393)
<223>

```

```

<400> 42

```

# DE 102 38 980 A1 2004.03.04

```

aagcttttga ttagcactga ttgtccagat ggatattgag gggacccgca cattcttccg      60
gactttcttc cgcttgccca catggatgtg gtggggggtt cttggatctt cgttatcatc      120
aactgacttg ataatatattg cgttttacat gtttatcata gcaccgcata gcctgagaat      180
gggtctgggt agacatttgc tttctgacct gacaggagga acaatgttaa aagcgtatct      240
cacgatataa ataactctag tcgcgatcag tttagattat aggcacatct tgcatatata      300
tatgtataaa ccttatgtgt gctgtatcct tacatcaaca cagtcattaa ttgtatttct      360
tggggtaatg ctgatgaagt attttctgtc gac                                     393

```

```

<210> 43
<211> 397
<212> DNA
<213> Tagetes erecta

<220>
<221> Antisense Fragment
<222> (1) .. (397)
<223>

```

```

<400> 43
gaattctctt tggattagca ctgattgtcc agatggatat tgaggggacc cgcacattct      60
tccggacttt ctccgcttg cccacatgga tgtggtgggg gtttcttga tcttcgttat      120
catcaactga cttgataata tttgcgtttt acatgtttat catagcaccg catagcctga      180
gaatgggtct ggtagacat ttgctttctg acccgacagg aggaacaatg ttaaaagcgt      240
atctcacgat ataaataact ctagtcgga tcagtttaga ttataggcac atcttgcata      300
tatatatgta taaaccttat gtgtgctgta tccttacatc aacacagtca ttaattgtat      360
ttcttggggt aatgctgatg aagtatttct tggatcc                                     397

```

```

<210> 44
<211> 1537
<212> DNA
<213> -

<220>
<221> promoter
<222> (1) .. (1537)
<223>

```

```

<400> 44
gagctctaca aattaggggt actttattca ttttcatcca ttctctttat tgttaaattt      60
tgtacattta ttcaataata ttatatgttt attacaaatt ctcaatttct tattcatacc      120

```

tattcactca agcctttacc atcttccttt tctatttcaa tactatttct acttcatttt	180
tcacgttttt aacatctttc tttatttctt gtccacttcg tttagggatg cctaattgtcc	240
caaatttcat ctctcgtagt aacacaaaac caatgtaatg ctacttctct ctacattttt	300
aatacaaata aagtgaaca aaatatctat aaataaaca atatatatat tttgttagac	360
gctgtctcaa cccatcaatt aaaaaatttt gttatatattc tactttacct actaaatttg	420
tttctcatat ttacctttta acccccacaa aaaaaaatta taaaaaagaa agaaaaaagc	480
taaaccctat ttaaataagct aactataaga tcttaaaatt atcctcatca gtgtatagtt	540
taattgggta ttaacttata acattatata tctatgacat atactctctc ctagctattt	600
ctcacatttt ttaacttaag aaaatagtc taacatagtc taaaattcaa acatccacat	660
gctctaattt gattaacaaa aagttagaaa tattttattta aataaaaaag actaataaat	720
atataaaatg aatgttcata cgcagaccga tttagagatg agtatgcttt cacatgctga	780
gattattttc aaaactaagg ttgtagcaat attaaatcaa taaaattatt ataaataaca	840
aaattaacct gctcgtgttt gctgtatatg ggaggctaca aaataaatta aactaaagat	900
gattatgttt tagacatttt ttctatctgt attagtttat acatattaat tcaggagctg	960
cacaacccaa ttctattttc gttccttggg ggctgggttt ctcaacagg tcaatagtc	1020
atattagggt ttattggact tttaatagta tcaaacaaat ctatgtgtga acttaaaaaat	1080
tgtattaaat atttagggta acctgttgcc gtttttagaa taatgtttct tcttaataca	1140
cgaaagcgta ttgtgtattc attcatttgg cgcctcacat gcttcgggtg gctcgtttta	1200
gtctctgcct tctttgtata ttgtactccc cctcttccta tgccacgtgt tctgagctta	1260
acaagccacg ttgcgtgcc tggccaaaca agtcatttta acttcacaag gtccgatttg	1320
acctccaaaa caacgacaag tttccgaaca gtcgcgaaga tcaagggtat aatcgtcttt	1380
ttgaattcta tttctcttta tttaatagtc cctctcgtgt gatagttttt aaaagatttt	1440
taaaacgtag ctgctgttta agtaaattccc agtccttcag tttgtgcttt tgtgtgtttt	1500
gtttctctga tttacggaat ttggaaataa taagctt	1537

<210> 45  
 <211> 734  
 <212> DNA  
 <213> kuenstliche Sequenz

<220>  
 <221> variation



&lt;222&gt; (1)..(734)

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 45

ctaacaatca atgagtagag agctggacac atgacggcaa caatggcggc ttttacatgc	60
cctaggttta tgactagcat cagatacacg aagcaaatta agtgcaacgc tgctaaaagc	120
cagctagtcg ttaaacaaga gattgaggag gaagaagatt atgtgaaagc cgggtggatcg	180
gagctgcttt ttgttcaa at gcaacagaat aagtccatgg atgcacagtc tagcctatcc	240
caaaagggtca ctccagactt aattgcttat aaataaataa atatgttttt taggaataat	300
gatattttaga tagattagct atcacctgtg ctgtggtgtg cagctcccaa gggctcttacc	360
gatagtaaaa tcgttagtta tgattaatac ttgggaggtg ggggattata ggctttgttg	420
tgagaatggt gagaaagagg ttgacaaat cgggtgttga atgagggtta atggagtta	480
attaaaataa agagaagaga aagattaaga gggatgatgg gatattaaag acggscaata	540
tagtgatgcc acgtagaaaa aggttaagtga aaacatacaa cgtggcttta aaagatggct	600
tggctgctaa tcaactcaac tcaactcata tcctatccat tcaaattcaa ttcaattcta	660
ttgaatgcaa agcaaagcaa aggttggttg ttgttggtgt tgagagacac tccaatccaa	720
acagatacaa ggcg	734

&lt;210&gt; 46

&lt;211&gt; 280

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; kuenstliche Sequenz

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; variation

&lt;222&gt; (1)..(280)

&lt;223&gt;

&lt;400&gt; 46

gtcgagtatg gagttcaatt aaaataaaga gaagaraaag attaagaggg tgatggggat	60
attaaagacg gccaatrtag tgatgccacg taagaaaaag gtaagtgaac acatacaacg	120
tggcttttaa agatggcttg gctgctaact aactcaactc aactcatatc ctatccattc	180
aaattcaatt caattctatt gaatgcaaag caaagcaaag caaagggtgt ttgttggtgt	240
tggtgagaga cactccaatc caaacagata caaggcgtga	280

&lt;210&gt; 47

&lt;211&gt; 358

<212> DNA  
 <213> Tagetes erecta

<220>  
 <221> Sense Promotor  
 <222> (1)..(358)  
 <223>

<400> 47  
 aagcttaccg atagtaaaat cgtaggttat gattaatact tgggaggtgg gggattatag 60  
 gctttgttgt gagaatgttg agaaagaggt ttgacaaatc ggtgtttgaa tgagggttaa 120  
 tggagtttaa ttaaaataaa gagaagagaa agattaagag ggtgatgggg atattaaaga 180  
 cggccaatat agtgatgcca cgtagaaaaa ggtaagtga aacatacaac gtggctttaa 240  
 aagatggctt ggctgctaata caactcaact caactcatat cctatccatt caaattcaat 300  
 tcaattctat tgaatgcaaa gcaaagcaaa gcaaaggttg tttgttggtg ttgtcgac 358

<210> 48  
 <211> 361  
 <212> DNA  
 <213> Tagetes erecta

<220>  
 <221> Antisense Promotor  
 <222> (1)..(361)  
 <223>

<400> 48  
 ctcgagctta ccgatagtaa aatcgtagt tatgattaat acttgggagg tgggggatta 60  
 taggccttgt tgtgagaatg ttgagaaaga ggtttgacaa atcgggtgtt gaatgaggtt 120  
 aaatggagtt taattaaaat aaagagaaga gaaagattaa gagggatgat gggatattaa 180  
 agacggccaa tatagtgatg ccacgtagaa aaaggtaagt gaaaacatac aacgtggctt 240  
 taaaagatgg cttggctgct aatcaactca actcaactca taccctatcc attcaaattc 300  
 aattcaattc tattgaatgc aaagcaaagc aaagcaaagg ttgtttgttg ttgttgatc 360  
 c 361

<210> 49  
 <211> 28  
 <212> DNA  
 <213> kuenstliche Sequenz

<220>  
 <221> Primer

<222> (1)..(28)  
<223>

<400> 49  
gagctcactc actgatttcc attgcttg

28

<210> 50  
<211> 37  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(37)  
<223>

<400> 50  
cgccggttaag tcgatgtccg ttgatttaaa cagtgtc

37

<210> 51  
<211> 34  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(34)  
<223>

<400> 51  
atcaacggac atcgacttaa cggcgtttgt aaac

34

<210> 52  
<211> 25  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(25)  
<223>

<400> 52  
taagcttttt gttgaagaga tttgg

25

<210> 53  
<211> 23  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
 <221> Primer  
 <222> (1)..(23)  
 <223>

<400> 53  
 gaaaataactt catcagcatt acc

23

<210> 54  
 <211> 28  
 <212> DNA  
 <213> kuenstliche Sequenz

<220>  
 <221> Primer  
 <222> (1)..(28)  
 <223>

<400> 54  
 gtcgactacg taagtttctg cttctacc

28

<210> 55  
 <211> 26  
 <212> DNA  
 <213> kuenstliche Sequenz

<220>  
 <221> Primer  
 <222> (1)..(26)  
 <223>

<400> 55  
 ggatccggtg atacctgcac atcaac

26

<210> 56  
 <211> 28  
 <212> DNA  
 <213> kuenstliche Sequenz

<220>  
 <221> Primer  
 <222> (1)..(28)  
 <223>

<400> 56  
 aagcttgac gaggcaaagc aaagggtg

28

<210> 57

<211> 29  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(29)  
<223>

<400> 57  
gtcgacaacc aaatccagta tacagttac

29

<210> 58  
<211> 30  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(30)  
<223>

<400> 58  
aggatccaac caaatccagt atacagttac

30

<210> 59  
<211> 28  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(28)  
<223>

<400> 59  
gaattcgac gaggcaaagc aaagggtg

28

<210> 60  
<211> 25  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(25)  
<223>

<400> 60  
aagctttgga ttagcactga ttgtc

25

<210> 61  
<211> 29  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(29)  
<223>

<400> 61  
gtcgacagaa aatacttcat cagcattac

29

<210> 62  
<211> 29  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(29)  
<223>

<400> 62  
ggatccagaa aatacttcat cagcattac

29

<210> 63  
<211> 27  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(27)  
<223>

<400> 63  
gaattctctt tggattagca ctgattg

27

<210> 64  
<211> 23  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(23)  
<223>

<400> 64  
cgccttgtat ctgttttgat tgg 23

<210> 65  
<211> 24  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(24)  
<223>

<400> 65  
ctaacaatca atgagtatga gagc 24

<210> 66  
<211> 26  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(26)  
<223>

<400> 66  
agagcaaggc cagcaggacc acaacc 26

<210> 67  
<211> 26  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(26)  
<223>

<400> 67  
ccttgggagc ttttgggata ggctag 26

<210> 68  
<211> 26  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer

<222> (1)..(26)  
<223>

<400> 68  
tcacgccttg tatctgtttg gattgg

26

<210> 69  
<211> 15  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(15)  
<223>

<400> 69  
gtcgagtatg gagtt

15

<210> 70  
<211> 28  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(28)  
<223>

<400> 70  
aagcttaccg atagtaaaat cgtttagtt

28

<210> 71  
<211> 31  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(31)  
<223>

<400> 71  
ctcgagctta ccgatagtaa aatcgtagt t

31

<210> 72  
<211> 28  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz



<400> 72  
gtcgacaaca acaacaaaca acctttgc

28

<210> 73  
<211> 28  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(28)  
<223>

<400> 73  
ggatccaaca acaacaaaca acctttgc

28

<210> 74  
<211> 28  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(28)  
<223>

<400> 74  
gtcgactttt tggtgaagag atttggtg

28

<210> 75  
<211> 28  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(28)  
<223>

<400> 75  
ctcgagactc actgatttcc attgcttg

28

<210> 76  
<211> 22  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer

<222> (1)..(22)  
<223>

<400> 76  
gagctctaca aattaggggtt ac 22

<210> 77  
<211> 23  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(23)  
<223>

<400> 77  
aagcttatta tttccaaatt ccg 23

<210> 78  
<211> 50  
<212> DNA  
<213> kuenstliche Sequenz

<220>  
<221> Primer  
<222> (1)..(50)  
<223>

<400> 78  
aagcttttgca attcatacag aagtgagaaa aatgcagcta gcagcgacag 50

<210> 79  
<211> 1062  
<212> DNA  
<213> Haematococcus pluvialis

<220>  
<221> CDS  
<222> (32)..(1021)  
<223>

<400> 79  
aagcttttgca attcatacag aagtgagaaa a atg cag cta gca gcg aca gta 52  
Met Gln Leu Ala Ala Thr Val  
1 5

atg ttg gag cag ctt acc gga agc gct gag gca ctc aag gag aag gag 100  
Met Leu Glu Gln Leu Thr Gly Ser Ala Glu Ala Leu Lys Glu Lys Glu  
10 15 20

aag gag gtt gca ggc agc tct gac gtg ttg cgt aca tgg gcg acc cag	148
Lys Glu Val Ala Gly Ser Ser Asp Val Leu Arg Thr Trp Ala Thr Gln	
25 30 35	
tac tcg ctt ccg tca gag gag tca gac gcg gcc cgc ccg gga ctg aag	196
Tyr Ser Leu Pro Ser Glu Glu Ser Asp Ala Ala Arg Pro Gly Leu Lys	
40 45 50 55	
aat gcc tac aag cca cca cct tcc gac aca aag ggc atc aca atg gcg	244
Asn Ala Tyr Lys Pro Pro Pro Ser Asp Thr Lys Gly Ile Thr Met Ala	
60 65 70	
cta gct gtc atc ggc tcc tgg gcc gca gtg ttc ctc cac gcc att ttt	292
Leu Ala Val Ile Gly Ser Trp Ala Ala Val Phe Leu His Ala Ile Phe	
75 80 85	
caa atc aag ctt ccg acc tcc ttg gac cag ctg cac tgg ctg ccc gtg	340
Gln Ile Lys Leu Pro Thr Ser Leu Asp Gln Leu His Trp Leu Pro Val	
90 95 100	
tca gat gcc aca gct cag ctg gtt agc ggc agc agc agc ctg ctg cac	388
Ser Asp Ala Thr Ala Gln Leu Val Ser Gly Ser Ser Ser Leu Leu His	
105 110 115	
atc gtc gta gta ttc ttt gtc ctg gag ttc ctg tac aca ggc ctt ttt	436
Ile Val Val Val Phe Phe Val Leu Glu Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe	
120 125 130 135	
atc acc acg cat gat gct atg cat ggc acc atc gcc atg aga aac agg	484
Ile Thr Thr His Asp Ala Met His Gly Thr Ile Ala Met Arg Asn Arg	
140 145 150	
cag ctt aat gac ttc ttg ggc aga gta tgc atc tcc ttg tac gcc tgg	532
Gln Leu Asn Asp Phe Leu Gly Arg Val Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp	
155 160 165	
ttt gat tac aac atg ctg cac cgc aag cat tgg gag cac cac aac cac	580
Phe Asp Tyr Asn Met Leu His Arg Lys His Trp Glu His His Asn His	
170 175 180	
act ggc gag gtg ggc aag gac cct gac ttc cac agg gga aac cct ggc	628
Thr Gly Glu Val Gly Lys Asp Pro Asp Phe His Arg Gly Asn Pro Gly	
185 190 195	
att gtg ccc tgg ttt gcc agc ttc atg tcc agc tac atg tcg atg tgg	676
Ile Val Pro Trp Phe Ala Ser Phe Met Ser Ser Tyr Met Ser Met Trp	
200 205 210 215	
cag ttt gcg cgc ctc gca tgg tgg acg gtg gtc atg cag ctg ctg ggt	724
Gln Phe Ala Arg Leu Ala Trp Trp Thr Val Val Met Gln Leu Leu Gly	
220 225 230	
gcg cca atg gcg aac ctg ctg gtg ttc atg gcg gcc gcg ccc atc ctg	772
Ala Pro Met Ala Asn Leu Leu Val Phe Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu	
235 240 245	

tcc gcc ttc cgc ttg ttc tac ttt ggc acg tac atg ccc cac aag cct 820  
 Ser Ala Phe Arg Leu Phe Tyr Phe Gly Thr Tyr Met Pro His Lys Pro  
 250 255 260

gag cct ggc gcc gcg tca ggc tct tca cca gcc gtc atg aac tgg tgg 868  
 Glu Pro Gly Ala Ala Ser Gly Ser Ser Pro Ala Val Met Asn Trp Trp  
 265 270 275

aag tcg cgc act agc cag gcg tcc gac ctg gtc agc ttt ctg acc tgc 916  
 Lys Ser Arg Thr Ser Gln Ala Ser Asp Leu Val Ser Phe Leu Thr Cys  
 280 285 290 295

tac cac ttc gac ctg cac tgg gag cac cac cgc tgg ccc ttt gcc ccc 964  
 Tyr His Phe Asp Leu His Trp Glu His His Arg Trp Pro Phe Ala Pro  
 300 305 310

tgg tgg gag ctg ccc aac tgc cgc cgc ctg tct ggc cga ggt ctg gtt 1012  
 Trp Trp Glu Leu Pro Asn Cys Arg Arg Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val  
 315 320 325

cct gcc tag ctggacacac tgcagtgggc cctgctgcca gctgggcatg c 1062  
 Pro Ala

<210> 80  
 <211> 329  
 <212> PRT  
 <213> Haematococcus pluvialis

<400> 80

Met Gln Leu Ala Ala Thr Val Met Leu Glu Gln Leu Thr Gly Ser Ala  
 1 5 10 15

Glu Ala Leu Lys Glu Lys Glu Lys Glu Val Ala Gly Ser Ser Asp Val  
 20 25 30

Leu Arg Thr Trp Ala Thr Gln Tyr Ser Leu Pro Ser Glu Glu Ser Asp  
 35 40 45

Ala Ala Arg Pro Gly Leu Lys Asn Ala Tyr Lys Pro Pro Pro Ser Asp  
 50 55 60

Thr Lys Gly Ile Thr Met Ala Leu Ala Val Ile Gly Ser Trp Ala Ala  
 65 70 75 80

Val Phe Leu His Ala Ile Phe Gln Ile Lys Leu Pro Thr Ser Leu Asp  
 85 90 95

Gln Leu His Trp Leu Pro Val Ser Asp Ala Thr Ala Gln Leu Val Ser

100

105

110

Gly Ser Ser Ser Leu Leu His Ile Val Val Val Phe Phe Val Leu Glu  
 115 120 125

Phe Leu Tyr Thr Gly Leu Phe Ile Thr Thr His Asp Ala Met His Gly  
 130 135 140

Thr Ile Ala Met Arg Asn Arg Gln Leu Asn Asp Phe Leu Gly Arg Val  
 145 150 155 160

Cys Ile Ser Leu Tyr Ala Trp Phe Asp Tyr Asn Met Leu His Arg Lys  
 165 170 175

His Trp Glu His His Asn His Thr Gly Glu Val Gly Lys Asp Pro Asp  
 180 185 190

Phe His Arg Gly Asn Pro Gly Ile Val Pro Trp Phe Ala Ser Phe Met  
 195 200 205

Ser Ser Tyr Met Ser Met Trp Gln Phe Ala Arg Leu Ala Trp Trp Thr  
 210 215 220

Val Val Met Gln Leu Leu Gly Ala Pro Met Ala Asn Leu Leu Val Phe  
 225 230 235 240

Met Ala Ala Ala Pro Ile Leu Ser Ala Phe Arg Leu Phe Tyr Phe Gly  
 245 250 255

Thr Tyr Met Pro His Lys Pro Glu Pro Gly Ala Ala Ser Gly Ser Ser  
 260 265 270

Pro Ala Val Met Asn Trp Trp Lys Ser Arg Thr Ser Gln Ala Ser Asp  
 275 280 285

Leu Val Ser Phe Leu Thr Cys Tyr His Phe Asp Leu His Trp Glu His  
 290 295 300

His Arg Trp Pro Phe Ala Pro Trp Trp Glu Leu Pro Asn Cys Arg Arg  
 305 310 315 320

Leu Ser Gly Arg Gly Leu Val Pro Ala  
 325

### Patentansprüche

1. Verfahren zur Herstellung von Ketocarotinoiden durch Kultivierung von genetisch veränderten Pflanzen,

die im Vergleich zum Wildtyp eine veränderte Ketolase-Aktivität in Blütenblättern aufweisen.

2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass man Pflanzen verwendet, deren Blütenblätter als Wildtyp bereits eine Ketolase-Aktivität aufweisen und die genetische Veränderung eine Erhöhung der Ketolase-Aktivität in Blütenblättern im Vergleich zum Wildtyp bewirkt.

3. Verfahren nach Anspruch 2, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Erhöhung der Ketolase-Aktivität die Genexpression einer Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase, gegenüber dem Wildtyp erhöht.

4. Verfahren nach Anspruch 3, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Erhöhung der Genexpression Nukleinsäuren in die Pflanze einbringt, die Ketolasen kodieren.

5. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass man Pflanzen verwendet, deren Blütenblätter als Wildtyp keine Ketolase-Aktivität aufweisen und die genetische Veränderung eine Ketolase-Aktivität in Blütenblättern im Vergleich zum Wildtyp verursacht.

6. Verfahren nach Anspruch 5, dadurch gekennzeichnet, dass man genetisch veränderte Pflanzen verwendet, die in Blütenblättern transgen eine Ketolase exprimieren.

7. Verfahren nach Anspruch 5 oder 6, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Verursachung der Genexpression Nukleinsäuren in die Pflanze einbringt, die Ketolasen kodieren.

8. Verfahren nach Anspruch 4 oder 7, dadurch gekennzeichnet, dass man Nukleinsäuren einbringt, die ein Protein kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 2 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 20 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 2 und die enzymatische Eigenschaft einer Ketolase aufweist.

9. Verfahren nach Anspruch 8, dadurch gekennzeichnet, dass man Nukleinsäuren, enthaltend die Sequenz SEQ ID NO: 1 einbringt.

10. Verfahren nach Anspruch 4 oder 7, dadurch gekennzeichnet, dass man Nukleinsäuren einbringt, die ein Protein kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 16 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 20 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 16 und die enzymatische Eigenschaft einer Ketolase aufweist.

11. Verfahren nach Anspruch 10, dadurch gekennzeichnet, dass man Nukleinsäuren, enthaltend die Sequenz SEQ ID NO: 15 einbringt.

12. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, dass man genetisch veränderte Pflanzen verwendet, die in Blüten die höchste Expressionsrate einer Ketolase aufweisen.

13. Verfahren nach Anspruch 12, dadurch gekennzeichnet, dass die Genexpression der Ketolase unter Kontrolle eines blütenspezifischen Promotors erfolgt.

14. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 13, dadurch gekennzeichnet, dass die Pflanzen zusätzlich gegenüber dem Wildtyp eine erhöhte Aktivität mindestens einer der Aktivitäten, ausgewählt aus der Gruppe Hydroxylase-Aktivität und  $\beta$ -Cyclase-Aktivität aufweisen.

15. Verfahren nach Anspruch 14, dadurch gekennzeichnet, dass man zur zusätzlichen Erhöhung mindestens einer der Aktivitäten, die Genexpression mindestens einer Nukleinsäure ausgewählt aus der Gruppe, Nukleinsäuren kodierend eine Hydroxylase und Nukleinsäuren kodierend eine  $\beta$ -Cyclase gegenüber dem Wildtyp erhöht.

16. Verfahren nach Anspruch 15, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Erhöhung der Genexpression mindestens einer der Nukleinsäuren, mindestens eine Nukleinsäure ausgewählt aus der Gruppe, Nukleinsäuren kodierend eine Hydroxylase und Nukleinsäuren kodierend eine  $\beta$ -Cyclase in die Pflanze einbringt.

17. Verfahren nach Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, dass man als Nukleinsäure kodierend eine Hy-

droxylase, Nukleinsäuren einbringt die eine Hydroxylase kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 18 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 20 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 18 aufweist.

18. Verfahren nach Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, dass man Nukleinsäuren, enthaltend die Sequenz SEQ ID NO: 17 einbringt.

19. Verfahren nach Anspruch 18, dadurch gekennzeichnet, dass man als Nukleinsäure kodierend eine  $\beta$ -Cyclase, Nukleinsäuren einbringt die eine  $\beta$ -Cyclase kodieren, enthaltend die Aminosäuresequenz SEQ ID NO: 20 oder eine von dieser Sequenz durch Substitution, Insertion oder Deletion von Aminosäuren abgeleitete Sequenz, die eine Identität von mindestens 20 % auf Aminosäureebene mit der Sequenz SEQ ID NO: 20 aufweist.

20. Verfahren nach Anspruch 19, dadurch gekennzeichnet, dass man Nukleinsäuren, enthaltend die Sequenz SEQ ID NO: 19 einbringt.

21. Verfahren nach einem der Ansprüche 14 bis 20, dadurch gekennzeichnet, dass man genetisch veränderte Pflanzen verwendet, die in Blüten die höchste Expressionsrate einer Hydroxylase und/oder  $\beta$ -Cyclase aufweisen.

22. Verfahren nach Anspruch 21, dadurch gekennzeichnet, dass die Genexpression der Hydroxylase und/oder  $\beta$ -Cyclase unter Kontrolle eines blütenspezifischen Promotors erfolgt.

23. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 22, dadurch gekennzeichnet, dass die Pflanzen gegenüber dem Wildtyp zusätzlich eine reduzierte  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität aufweisen.

24. Verfahren nach Anspruch 23, dadurch gekennzeichnet, dass man die Reduzierung der  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität in Pflanzen durch mindestens eines der nachfolgenden Verfahren erreicht:

- a) Einbringen mindestens einer doppelsträngigen  $\epsilon$ -Cyclase Ribonukleinsäuresequenz oder einer deren Expression gewährleistenden Expressionskassette oder Expressionskassetten in Pflanzen,
- b) Einbringen mindestens einer  $\epsilon$ -Cyclase antisense-Ribonukleinsäuresequenzen oder einer deren Expression gewährleistenden Expressionskassette in Pflanzen,
- c) Einbringen mindestens einer  $\epsilon$ -Cyclase antisense-Ribonukleinsäuresequenz kombiniert mit einem Ribozym oder einer deren Expression gewährleistenden Expressionskassette oder Expressionskassetten in Pflanzen,
- d) Einbringen mindestens einer  $\epsilon$ -Cyclase sense-Ribonukleinsäuresequenzen zur Induktion einer Kosuppression oder einer deren Expression gewährleistenden Expressionskassette in Pflanzen,
- e) Einbringen mindestens eines DNA-oder Protein-bindenden Faktors gegen ein  $\epsilon$ -Cyclase -Gen, -RNA oder -Protein oder einer dessen Expression gewährleistenden Expressionskassette in Pflanzen,
- f) Einbringen mindestens einer den  $\epsilon$ -Cyclase RNA-Abbau bewirkenden viralen Nukleinsäuresequenz oder einer deren Expression gewährleistenden Expressionskassette in Pflanzen,
- g) Einbringen mindestens eines Konstruktes zur Erzeugung einer Insertion, Deletion, Inversion oder Mutation in einem  $\epsilon$ -Cyclase-Gen in Pflanzen.

25. Verfahren nach Anspruch 24, Ausführungsform a), dadurch gekennzeichnet, dass man in die Pflanze eine RNA einbringt, die einen Bereich mit Doppel-Strang-Struktur aufweist und in diesem Bereich eine Nukleinsäuresequenz enthält, die

- a) mit mindestens einem Teil des Pflanze eigenen  $\epsilon$ -Cyclase-Transkripts identisch ist und/oder
- b) mit mindestens einem Teil der Pflanze eigenen  $\epsilon$ -Cyclase-Promotor-Sequenz identisch ist.

26. Verfahren nach Anspruch 25, dadurch gekennzeichnet, dass der Bereich mit Doppel-Strang-Struktur eine Nukleinsäuresequenz enthält, die mit mindestens einem Teil des Pflanze eigenen  $\epsilon$ -Cyclase-Transkripts identisch ist und das 5'-Ende oder das 3'-Ende der Pflanze eigenen Nukleinsäure, kodierend eine  $\epsilon$ -Cyclase enthält.

27. Verfahren nach Anspruch 23 bis 26, dadurch gekennzeichnet, dass man genetisch veränderte Pflanzen verwendet, die in Blüten die geringste Expressionsrate einer  $\epsilon$ -Cyclase aufweisen.

28. Verfahren nach Anspruch 27, dadurch gekennzeichnet, dass die Transkription der doppelsträngigen

$\epsilon$ -Cyclase Ribonukleinsäuresequenz gemäß Anspruch 24, Ausführungsform a) und/oder der Antisense-Sequenzen gemäß Anspruch 24, Ausführungsform b) unter Kontrolle eines blütenspezifischen Promotors erfolgt.

29. Verfahren nach einem der Ansprüche 5 bis 28, dadurch gekennzeichnet, dass man als Pflanze eine Pflanze verwendet, die in Blütenblättern Chromoplasten aufweist.

30. Verfahren nach einem der Ansprüche 5 bis 29, dadurch gekennzeichnet, dass man als Pflanze eine Pflanze, ausgewählt aus den Familien Ranunculaceae, Berberidaceae, Papaveraceae, Cannabaceae, Rosaceae, Fabaceae, Linaceae, Vitaceae, Brassicaceae, Cucurbitaceae, Primulaceae, Caryophyllaceae, Amaranthaceae, Gentianaceae, Geraniaceae, Caprifoliaceae, Oleaceae, Tropaeolaceae, Solanaceae, Scrophulariaceae, Asteraceae, Liliaceae, Amaryllidaceae, Poaceae, Orchidaceae, Malvaceae, Iliaceae oder Lamiaceae verwendet.

31. verfahren nach Anspruch 30, dadurch gekennzeichnet, dass man als Pflanze eine Pflanze, ausgewählt aus den Pflanzengattungen Marigold, Tagetes erecta, Tagetes patula, Acacia, Aconitum, Adonis, Arnica, Aquegia, Aster, Astragalus, Bignonia, Calendula, Caltha, Campanula, Canna, Centaurea, Cheiranthus, Chrysanthemum, Citrus, Crepis, Crocus, Curcubita, Cytisus, Delonia, Delphinium, Dianthus, Dimorphotheca, Doronicum, Eschscholtzia, Forsythia, Fremontia, Gazania, Gelsemium, Genista, Gentiana, Geranium, Gerbera, Geum, Grevillea, Helenium, Helianthus, Hepatica, Heracleum, Hisbiscus, Heliopsis, Hypericum, Hypochoeris, Impatiens, Iris, Jacaranda, Kerria, Laburnum, Lathyrus, Leontodon, Lilium, Linum, Lotus, Lycopersicon, Lysimachia, Maratia, Medicago, Mimulus, Narcissus, Oenothera, Osmanthus, Petunia, Photinia, Physalis, Phyteuma, Potentilla, Pyracantha, Ranunculus, Rhododendron, Rosa, Rudbeckia, Senecio, Silene, Silphium, Sinapsis, Sorbus, Spartium, Tecoma, Torenia, Tragopogon, Trollius, Tropaeolum, Tulipa, Tussilago, Ulex, Viola oder Zinnia verwendet.

32. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 31, dadurch gekennzeichnet, dass man nach dem Kultivieren die genetisch veränderten Pflanzen erntet und anschließend die Ketocarotinoide aus den Blütenblättern der Pflanzen isoliert.

33. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 32, dadurch gekennzeichnet, dass die Ketocarotinoide ausgewählt sind aus der Gruppe Astaxanthin, Canthaxanthin, Echinenon, 3-Hydroxyechinenon, 3'-Hydroxyechinenon, Adonirubin und Adonixanthin.

34. Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend funktionell verknüpft einen blütenspezifischen Promotor und eine Nukleinsäure codierend eine Ketolase.

35. Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend funktionell verknüpft einen blütenblattspezifischen Promotor und eine Nukleinsäure codierend eine Ketolase.

36. Doppelsträngiges RNA-Molekül umfassend

- a) einen "sense"-RNA-Strang umfassend mindestens eine Ribonukleotidsequenz, die im wesentlichen identisch ist zu mindestens einem Teil des "sense"-RNA- $\epsilon$ -Cyclase Transkriptes, und
- b) einen "antisense"-RNA-Strang, der zu dem RNA-sense-Strang unter a) im wesentlichen komplementär ist.

37. Doppelsträngiges RNA-Molekül umfassend

- a) einen "sense"-RNA-Strang umfassend mindestens eine Ribonukleotidsequenz, die im wesentlichen identisch ist zu mindestens einem Teil des "sense"-RNA-Transkriptes des Promotorbereichs eines  $\epsilon$ -Cyclase-Gens, und
- b) einen "antisense"-RNA-Strang, der zu dem RNA-"sense"-Strang unter a) im wesentlichen komplementär ist.

38. Doppelsträngiges RNA-Molekül nach Anspruch 36, wobei die aus dem  $\epsilon$ -Cyclase-Transkript ableitbare cDNA-Sequenz durch SEQ ID NO: 38 beschrieben ist.

39. Doppelsträngiges RNA-Molekül nach Anspruch 37, wobei die Nukleinsäuresequenz des Promotorbereichs des  $\epsilon$ -Cyclase-Gens durch SEQ ID NO: 47 beschrieben ist.

40. Doppelsträngiges RNA-Molekül nach einem der Ansprüche 38 bis 40, wobei "sense"-RNA-Strang und "antisense"-RNA-Strang kovalent in Form eines invertierten Repeats miteinander verbunden sind.

41. Transgene Expressionskassette enthaltend in funktioneller Verknüpfung mit einem in pflanzlichen Or-



ganismen funktionellen Promotor eine Nukleinsäuresequenz transkribierend ein doppelsträngiges RNA-Molekül gemäß einem der Ansprüche 36 bis 40.

42. Transgene Expressionskassette nach Anspruch 41, wobei der Promotor ein blütenesspezifischer Promotor ist.

43. Genetisch veränderte Pflanze, wobei die genetische Veränderung die Aktivität einer Ketolase in Blütenblättern,

A für den Fall, dass die Wildtyppflanze bereits eine Ketolase-Aktivität in Blütenblättern aufweist, gegenüber dem Wildtyp erhöht und

B für den Fall, dass die Wildtyppflanze keine Ketolase-Aktivität in Blütenblättern aufweist, gegenüber dem Wildtyp verursacht.

44. Genetisch veränderte Pflanze nach Anspruch 43, dadurch gekennzeichnet, dass die Erhöhung oder Verursachung der Ketolase-Aktivität durch eine Erhöhung oder Verursachung der Genexpression einer Nukleinsäure codierend eine Ketolase gegenüber dem Wildtyp bewirkt wird.

45. Genetisch veränderte Pflanze nach Anspruch 44, dadurch gekennzeichnet, dass man zur Erhöhung oder Verursachung der Genexpression Nukleinsäuren in die Pflanze einbringt, die Ketolasen kodieren.

46. Genetisch veränderte Pflanze, die in den Blütenblättern Chromoplasten aufweist, dadurch gekennzeichnet, dass die genetisch veränderte Pflanze mindestens eine transgene Nukleinsäure, kodierend eine Ketolase enthält.

47. Genetisch veränderte Pflanze nach einem der Ansprüche 43 bis 46, dadurch gekennzeichnet, dass die genetische Veränderung zusätzlich mindestens eine der Aktivitäten, ausgewählt aus der Gruppe Hydroxylase-Aktivität und  $\beta$ -Cyclase-Aktivität gegenüber einer Wildtyppflanze erhöht.

48. Genetisch veränderte Pflanze nach einem der Ansprüche 43 bis 47, dadurch gekennzeichnet, dass die genetische Veränderung zusätzlich die  $\epsilon$ -Cyclase-Aktivität gegenüber einer Wildtyppflanze reduziert.

49. Genetisch veränderte Pflanze nach einem der Ansprüche 43 bis 48, dadurch gekennzeichnet, dass die Pflanze ausgewählt ist aus den Pflanzenfamilien Ranunculaceae, Berberidaceae, Papaveraceae, Cannabaceae, Rosaceae, Fabaceae, Linaceae, Vitaceae, Brassiceae, Cucurbitaceae, Primulaceae, Caryophyllaceae, Amaranthaceae, Gentianaceae, Geraniaceae, Caprifoliaceae, Oleaceae, Tropaeolaceae, Solanaceae, Scrophulariaceae, Asteraceae, Liliaceae, Amaryllidaceae, Poaceae, Orchidaceae, Malvaceae, Iliaceae oder Lamiaceae.

50. Genetisch veränderte Pflanze nach Anspruch 49, ausgewählt aus der Gruppe der Pflanzengattungen Marigold, *Tagetes erecta*, *Tagetes patula*, *Lycopersicon*, *Rosa*, *Calendula*, *Physalis*, *Medicago*, *Helianthus*, *Chrysanthemum*, *Aster*, *Tulipa*, *Narcissus*, *Petunia*, *Geranium*, oder *Tropaeolum* oder *Adonis*.

51. Genetisch veränderte Pflanze nach einem der Ansprüche 43 bis 50, dadurch gekennzeichnet, dass die Ketolase in Blütenblättern exprimiert wird.

52. Genetisch veränderte Pflanze nach einem der Ansprüche 43 bis 51, dadurch gekennzeichnet, dass die Expressionsrate einer Ketolase in Blütenblättern am höchsten ist.

53. Verwendung der genetisch veränderten Pflanzen nach einem der Ansprüche 43 bis 52 als Zierpflanzen oder als Futter- und Nahrungsmittel.

54. Verwendung der Blütenblätter der genetisch veränderten Pflanzen nach einem der Ansprüche 43 bis 52 zur Herstellung von Ketocarotinoid-haltigen Extrakten oder zur Herstellung von Futter- und Nahrungsergänzungsmitteln.

55. Verfahren zur Herstellung von genetisch veränderten Pflanzen gemäß Anspruch 52, dadurch gekennzeichnet, dass man ein Nukleinsäurekonstrukt, enthaltend funktionell verknüpft einen blütenesspezifischen Promotor und Nukleinsäuren codierend eine Ketolase in das Genom der Ausgangspflanze einführt.

Es folgen 23 Blatt Zeichnungen

Abbildung 1: Biosyntheseschema von Carotinoiden in Tomatenblüten

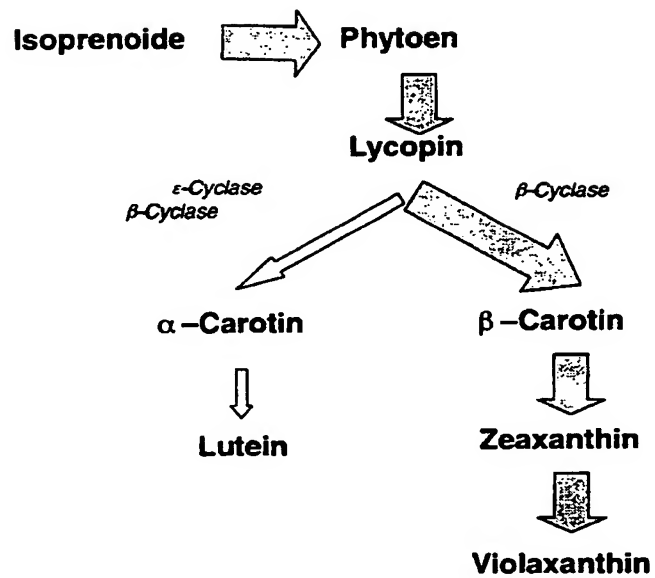
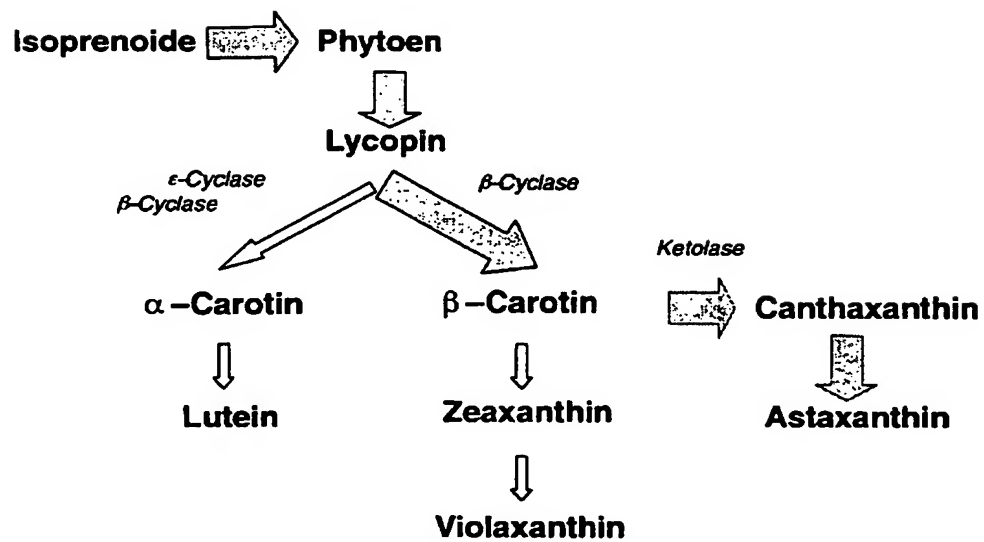


Abbildung 2: Biosyntheschema von Astaxanthin in genetisch veraenderten Blüten



## Abbildung 3: Nukleotidsequenzvergleich

KETO2.seq	ATGCAGCTAGCAGGACAGTAATGTTGGAGCAGCTTACCGGAAGCCCTGAGCCACTCAAGGAGAAGGAGAAGGAGGTTGCAGCCAGCTCTGAAGTGTTGC	100
X86782.seq	ATGCAGCTAGCAGGACAGTAATGTTGGAGCAGCTTACCGGAAGCCCTGAGCCACTCAAGGAGAAGGAGAAGGAGGTTGCAGCCAGCTCTGAAGTGTTGC	100
KETO2.seq	GTACATGGGGAGCCAGTACTGGCTTGGTCAGAGAGTCAGAGCGGGGGGGGGGGGGGACTGAAGAATGCTACAAGCCACCACTTCCGACACAAAGGG	200
X86782.seq	GTACATGGGGAGCCAGTACTGGCTTGGTCAGAGAGTCAGAGCGGGGGGGGGGGGGGACTGAAGAATGCTACAAGCCACCACTTCCGACACAAAGGG	200
KETO2.seq	CATCACAATGGGGTACGTGTGTCATGGCTGCTGGGGGGCAGTGTTCCTCCAGCCCATTTTTCAAATCAAGCTTCGGAGCTCTTGGACCACTGCACTGG	300
X86782.seq	CATCACAATGGGGTACGTGTGTCATGGCTGCTGGGGGGCAGTGTTCCTCCAGCCCATTTTTCAAATCAAGCTTCGGAGCTCTTGGACCACTGCACTGG	300
KETO2.seq	CTGGGGGTGTGAGATGCCACAGCTCAGCTGGTTACGGGGCAGCAGCAGCTGCTGCACATGGTGGTAGTATCTTTGTCTGGAGTTCCTGTACACAGGCC	400
X86782.seq	CTGGGGGTGTGAGATGCCACAGCTCAGCTGGTTACGGGGCAGCAGCAGCTGCTGCACATGGTGGTAGTATCTTTGTCTGGAGTTCCTGTACACAGGCC	400
KETO2.seq	TTTTTATCACCAGCCATGATGCTATGCATGCCACCATGCCCATGAGAAACAGCCAGCTTAATGACTTCTTGGCAGAGTATGCATCTCCTTGTAGGGCTG	500
X86782.seq	TTTTTATCACCAGCCATGATGCTATGCATGCCACCATGCCCATGAGAAACAGCCAGCTTAATGACTTCTTGGCAGAGTATGCATCTCCTTGTAGGGCTG	500
KETO2.seq	GTTTGATTACAACATGCTGCCAGCCCAAGCATTGGGAGCAGCCACAACCACACTGGGAGGTGGGCAAGGAGCCCTGACTTCCACAGGGGAAAGCCCTGGCATT	600
X86782.seq	GTTTGATTACAACATGCTGCCAGCCCAAGCATTGGGAGCAGCCACAACCACACTGGGAGGTGGGCAAGGAGCCCTGACTTCCACAGGGGAAAGCCCTGGCATT	600
KETO2.seq	GTGGGCTGGTTTGGCAGCTTCATGTCCAGCTACATGTGGATGTGGCAGTTTGGGGGCTGGCATGGTGGAGGGTGGTCATGCAGCTGCTGGGTGGGGCAA	700
X86782.seq	GTGGGCTGGTTTGGCAGCTTCATGTCCAGCTACATGTGGATGTGGCAGTTTGGGGGCTGGCATGGTGGAGGGTGGTCATGCAGCTGCTGGGTGGGGCAA	700
KETO2.seq	TGGGAACTGCTGGTGTTCATGGGGGGGGGGGGCATGCTGTGGGCTTGGCTTGTCTACTTTGGCAAGTACATGGGGCACAAGCCCTGAGGCTGGGGC	800
X86782.seq	TGGGAACTGCTGGTGTTCATGGGGGGGGGGGGCATGCTGTGGGCTTGGCTTGTCTACTTTGGCAAGTACATGGGGCACAAGCCCTGAGGCTGGGGC	800
KETO2.seq	CGGTGAGGCTCTTCAACCAGCGTCATGAACCTGGTGGAGTGGGGCACTAGCCAGCGGTGGAGCTGGTCAGCTTTCTGAGCTGCTACCACTTGGAGCTG	900
X86782.seq	CGGTGAGGCTCTTCAACCAGCGTCATGAACCTGGTGGAGTGGGGCACTAGCCAGCGGTGGAGCTGGTCAGCTTTCTGAGCTGCTACCACTTGGAGCTG	900
KETO2.seq	CAGTGGGAGCAGCAAGCCCTGGGCTTTGGGGGCTGGTGGGAGCTGGGCAACTGGGGGGGCTGTCTGGGGAGGCTGGTTCCTGGCTAG	990
X86782.seq	CAGTGGGAGCAGCAAGCCCTGGGCTTTGGGGGCTGGTGGGAGCTGGGCAACTGGGGGGGCTGTCTGGGGAGGCTGGTTCCTGGCTAG	990

Abbildung 4: Proteinsequenzvergleich

KETO2.pro	MQLAATVMLEQLTGS AEALKEKEKEVAGSSDVLRTWATQYSLPSEESDAA	50
X86782.pro	MQLAATVMLEQLTGS AEALKEKEKEVAGSSDVLRTWATQYSLPSEESDAA	50
KETO2.pro	RPGLKNAYKPPPSDTKGITMALAVIGSWAAVFLHAIFQIKLPTSLDQLHW	100
X86782.pro	RPGLKNAYKPPPSDTKGITMALRVIGSWAAVFLHAIFQIKLPTSLDQLHW	100
KETO2.pro	LPVSDATAQLVSGSSSLLHIVVVFFVLEFLYTGLFITTHDAMHGTIAMRN	150
X86782.pro	LPVSDATAQLVSGTSSLLDIVVVFFVLEFLYTGLFITTHDAMHGTIAMRN	150
KETO2.pro	RQLNDFLGRVCI SLYAWFDYNMLHRKHWEHHNHTGEVGKDPDFHRGNPGI	200
X86782.pro	RQLNDFLGRVCI SLYAWFDYNMLHRKHWEHHNHTGEVGKDPDFHRGNPGI	200
KETO2.pro	VPWFASFMS SYMSMWQFARLAWWTVVMQLLGAPMANLLVFMAAAPILSAF	250
X86782.pro	VPWFASFMS SYMSMWQFARLAWWTVVMQLLGAPMANLLVFMAAAPILSAF	250
KETO2.pro	RLFYFGTYMPHKPEPGAASGSSPAVMNWWKSRTSQASDLVSFLTCHYHFDL	300
X86782.pro	RLFYFGTYMPHKPEPGAASGSSPAVMNWWKSRTSQASDLVSFLTCHYHFDL	300
KETO2.pro	HWEHHRWPFAPWWELPNCRRLSGRGLVPA	329
X86782.pro	HWEHHRWPFAPWWELPNCRRLSGRGLVPA	329

Abbildung 5A: Konstrukt zur Überexpression der Ketolase ( $\beta$ -C-4-Oxygenase) Proteins aus *H. pluvialis* mit rbcS Transitpeptid aus Erbse unter Kontrolle des d35S-Promoters (Tomatentransformationskonstrukt)

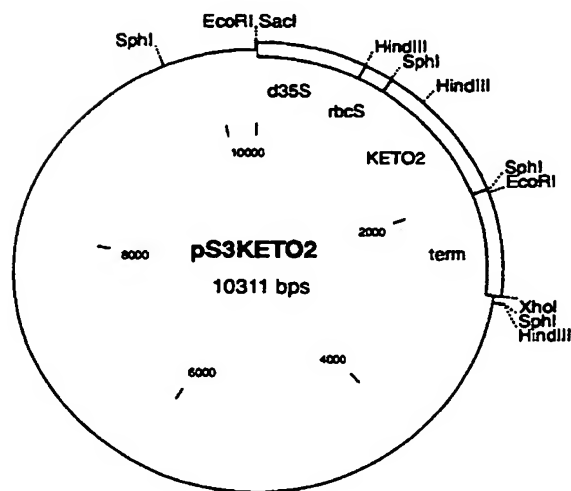


Abbildung 5B: Konstrukt zur Überexpression des Ketolase ( $\beta$ -C-4-Oxygenase) Proteins aus *H. pluvialis* mit *rbcS* Transitpeptid aus Erbse unter Kontrolle des d35S-Promoters (Tagetestransformationskonstrukt)

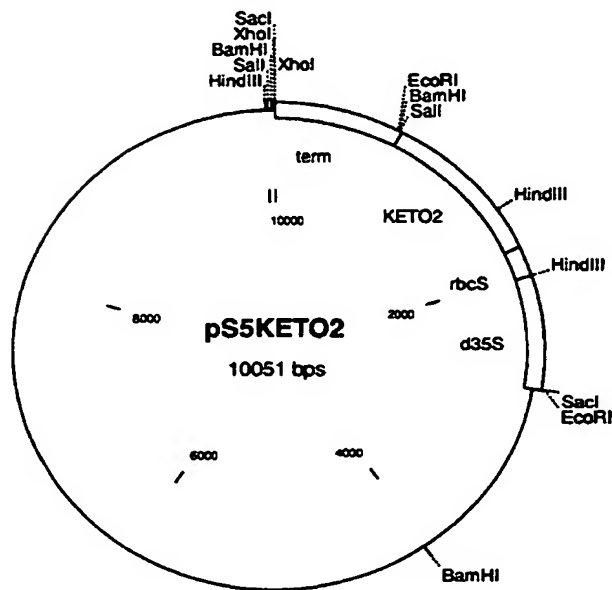


Abbildung 6: Konstrukt zur Überexpression des N-terminal verkürzten Ketolase ( $\beta$ -C-4-Oxygenase) Proteins aus *H. pluvialis* mit rbcS Transitpeptid aus Erbse unter Kontrolle des d35S-Promoters.

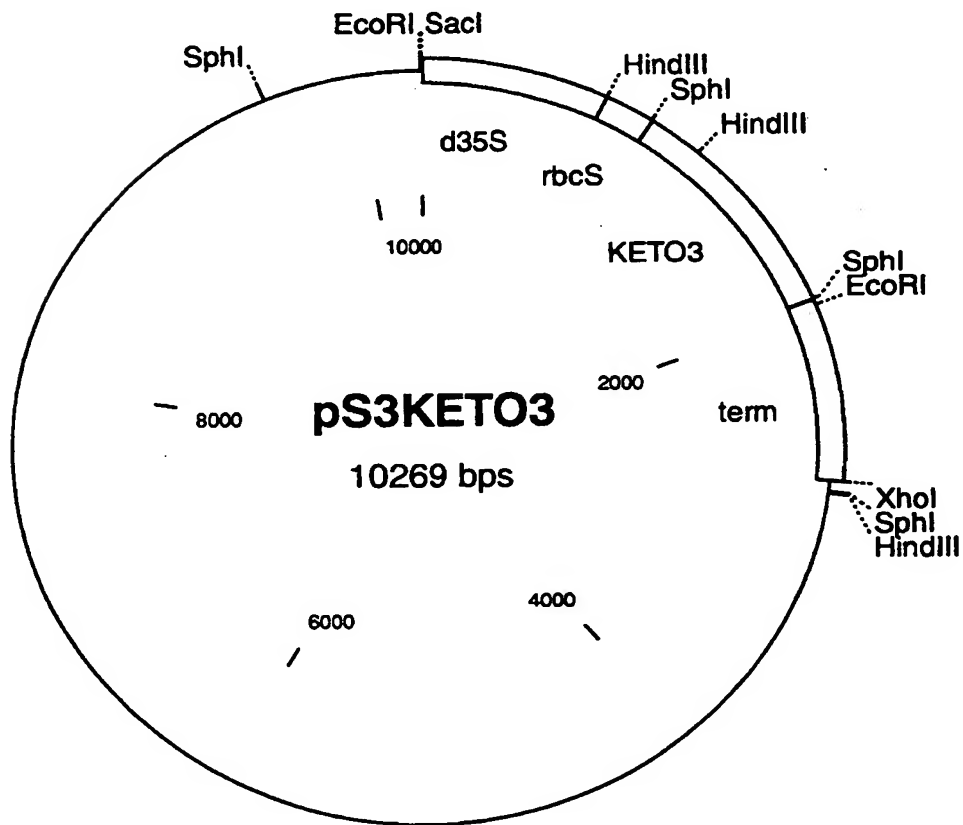




Abbildung 7: Konstrukt zur Überexpression des Ketolase ( $\beta$ -C-4-Oxygenase) Protein aus *H. pluvialis* mit rbcS Transitpeptid aus Erbse und C-terminalem myc-Tag unter Kontrolle des d35S-Promoters.

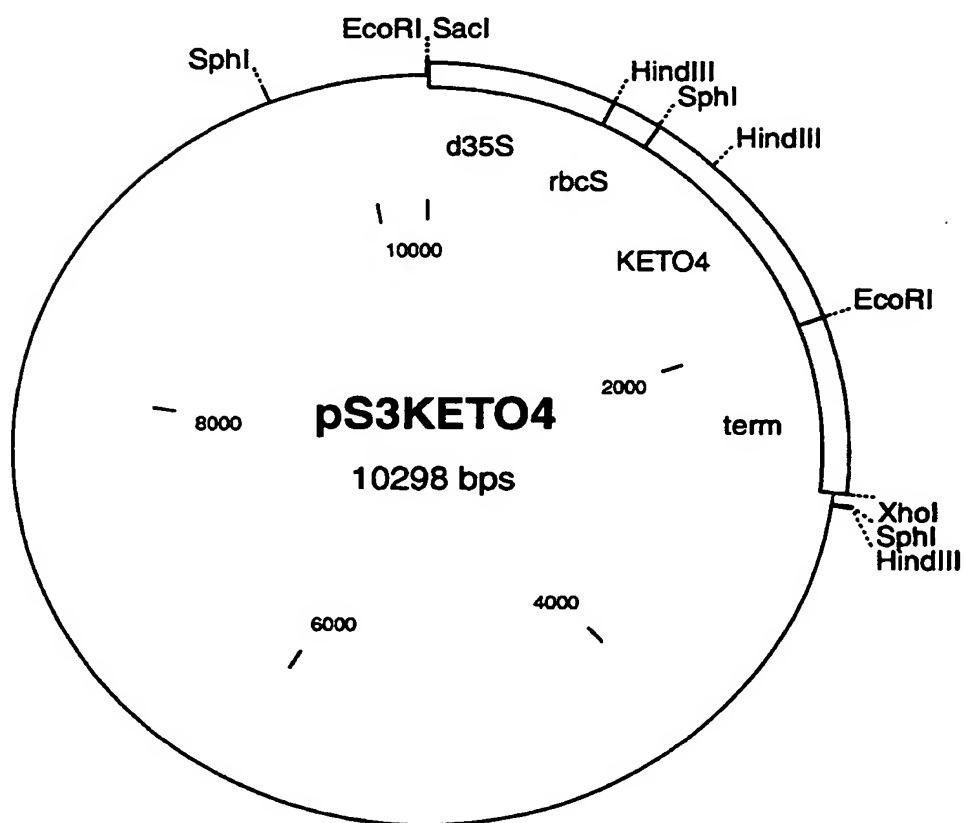


Abbildung 8A: Konstrukt pS3AP3PKETO2 zur Überexpression des Ketolase ( $\beta$ -C-4-Oxygenase) Proteins aus *H. pluvialis* mit *rbcS* Transitpeptid aus Erbse unter Kontrolle des AP3P-Promoters (Tomatentransformationskonstrukt).

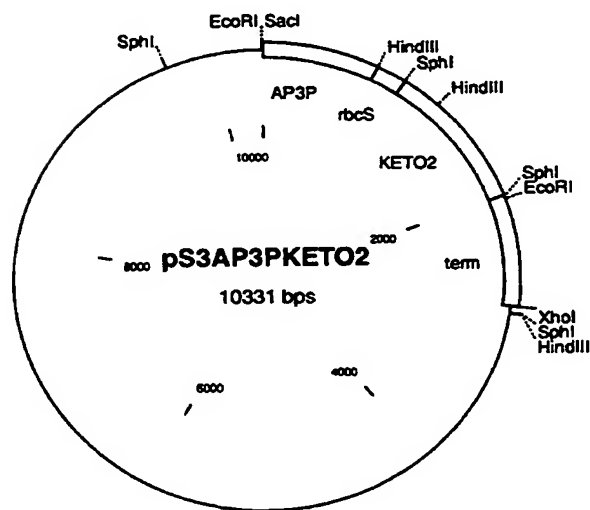


Abbildung 8B: Konstrukt pS5AP3PKETO2 zur Überexpression der Ketolase ( $\beta$ -C-4-Oxygenase) Proteins aus *H. pluvialis* mit *rbcS* Transitpeptide aus Erbse unter Kontrolle des AP3P-Promoters (Zielselektionskonstrukt).

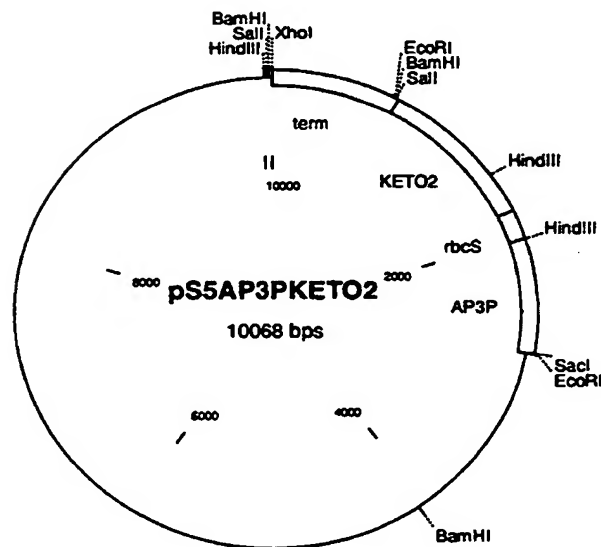


Abbildung 9: Konstrukt zur Überexpression des Ketolase ( $\beta$ -C-4-Oxygenase) Protein aus *H. pluvialis* mit rbcS Transitpeptid aus Erbse und C-terminalem myc-Tag unter Kontrolle des AP3P-Promoters.

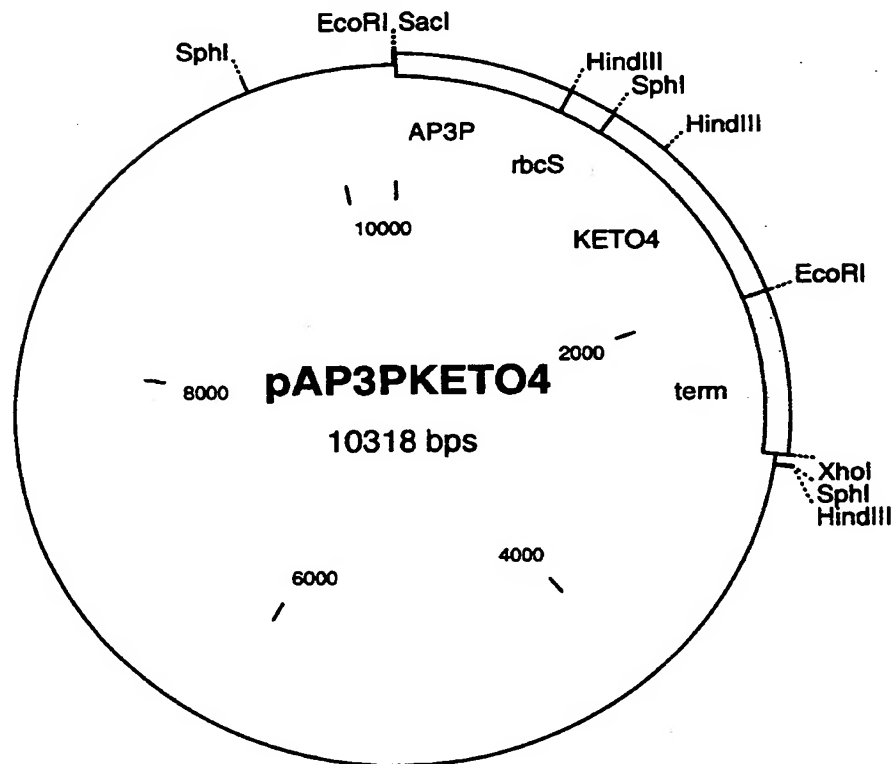


Fig. 10

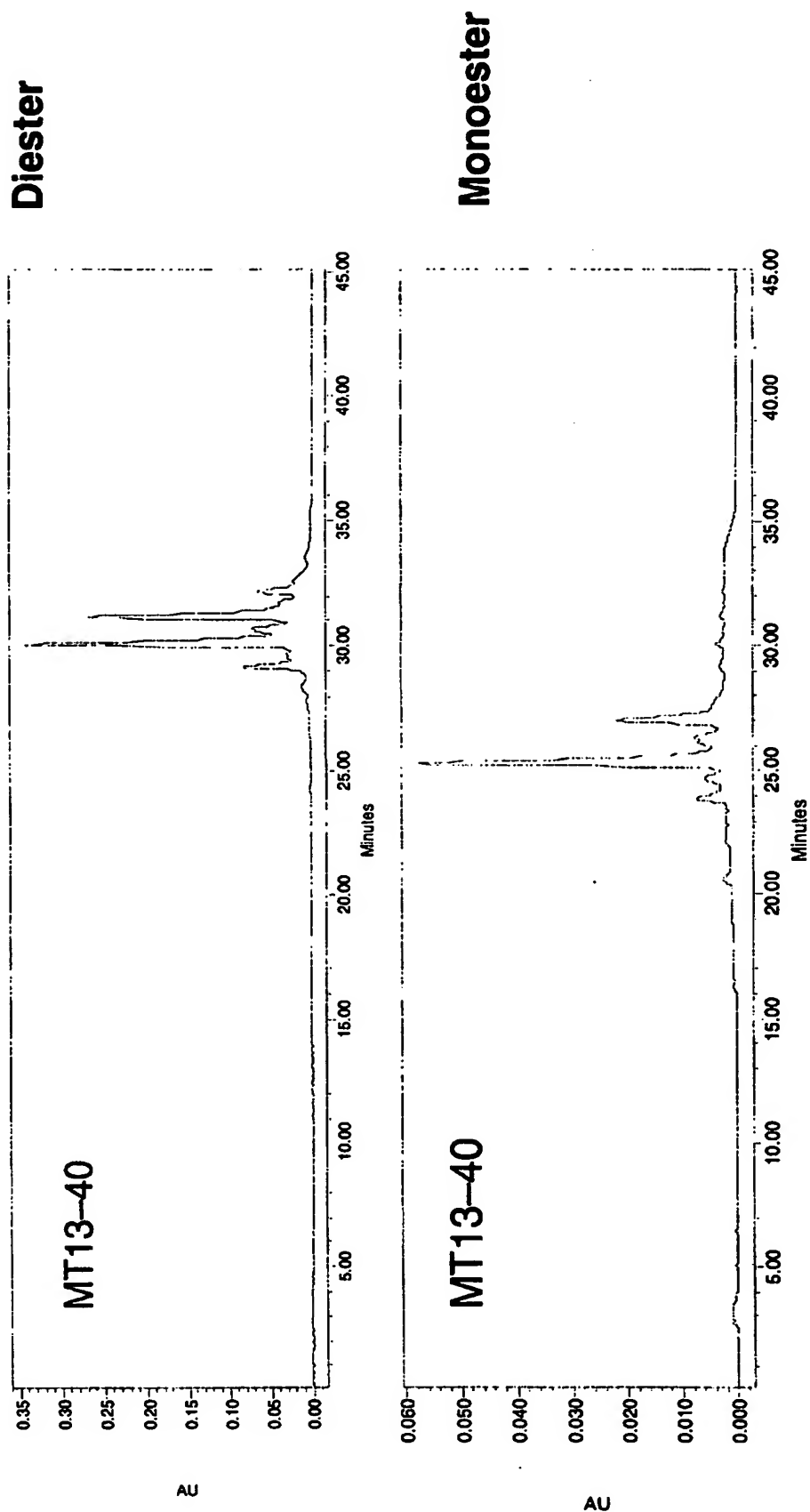


Fig. 11

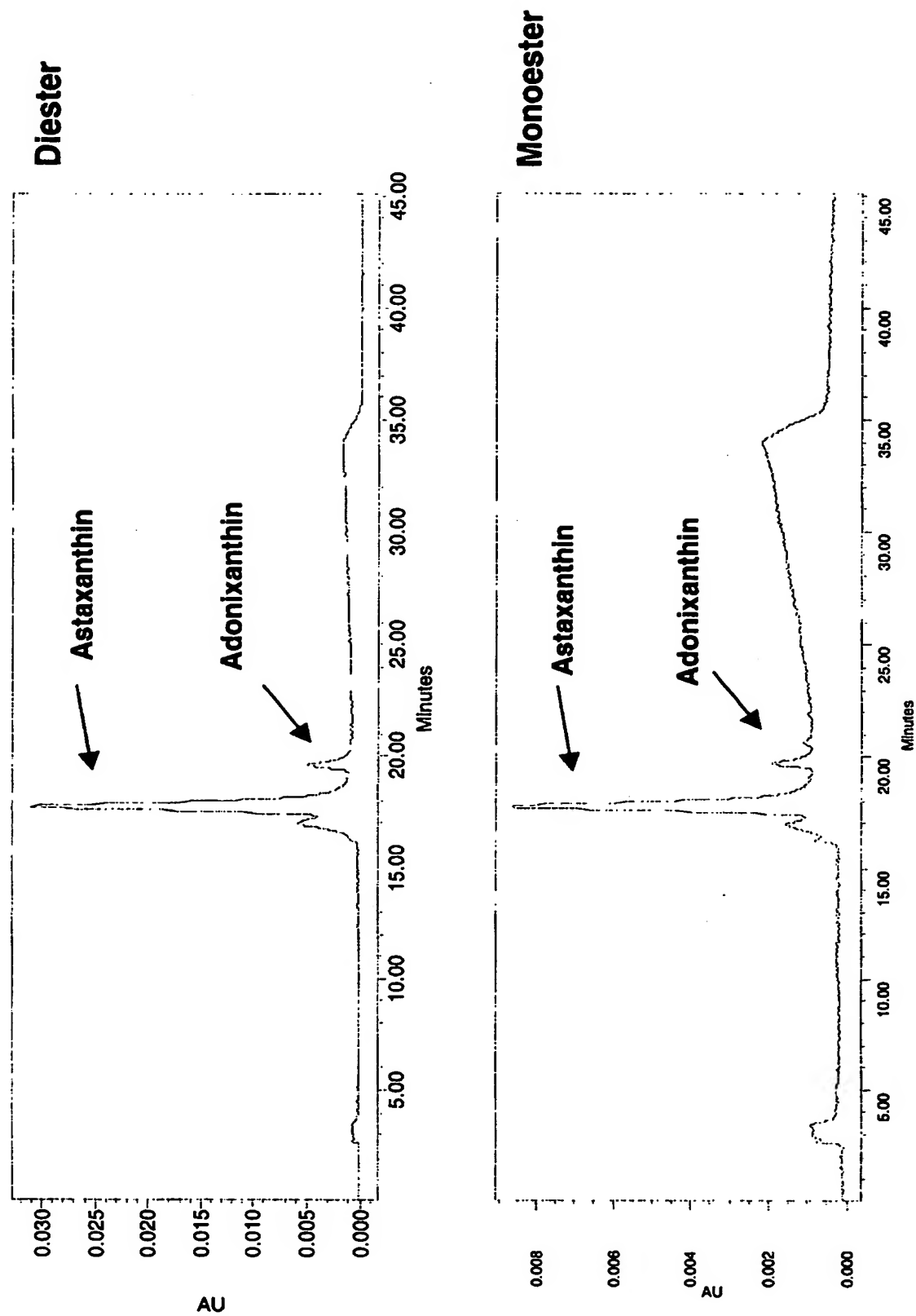


Abbildung 12: Klonierungskassette zur Herstellung von Inverted-Repeat-Expressionskassetten für die blüten-spezifische Expression von Epsilon-Cyclase dsRNAs in *Tagetes erecta*

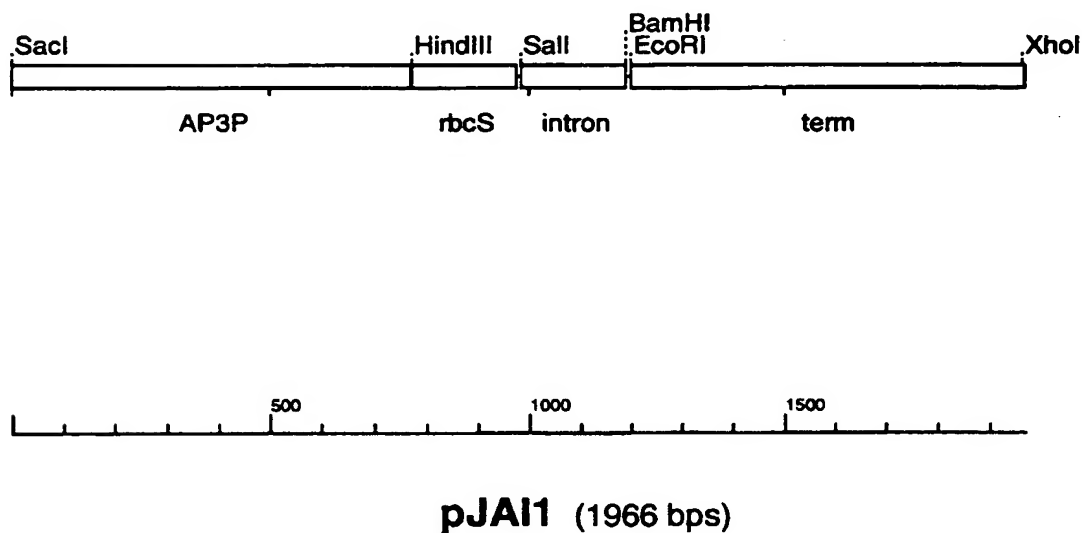


Abbildung 13: Expressionsvektor zur blütenspezifischen Produktion von dsRNA-Transkripten enthaltend 5'terminale Fragmente der Epsilon-Cyclase cDNA (AF251016) unter Kontrolle des AP3P-Promoters

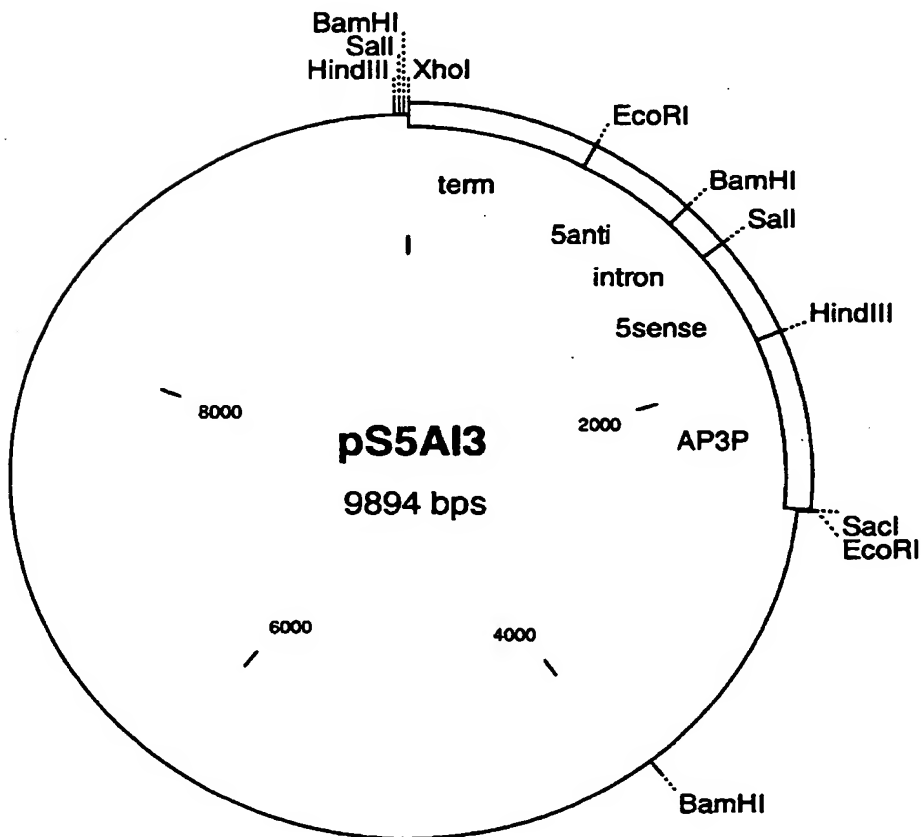




Abbildung 14: Expressionsvektor zur blütenspezifischen Produktion von dsRNA-Transkripten enthaltend 5'terminale Fragmente der Epsilon-Cyclase cDNA (AF251016) unter Kontrolle des CHRC-Promoters

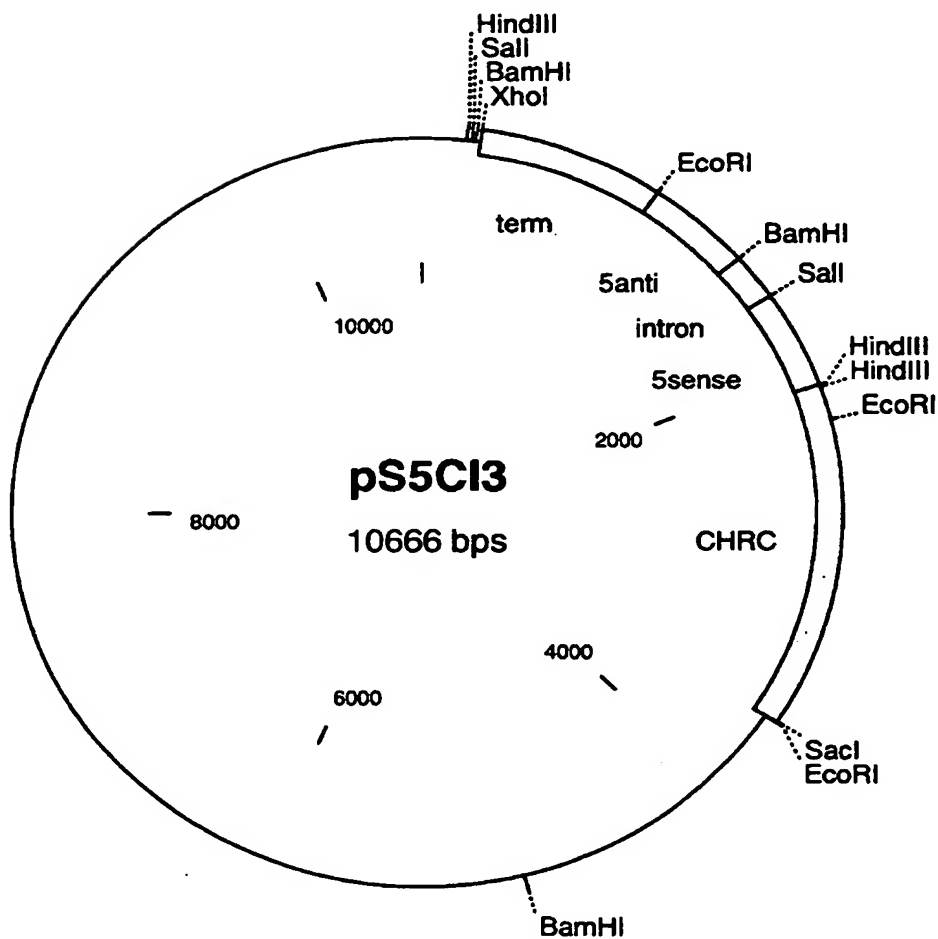


Abbildung 15: Expressionsvektor zur blütenspezifischen Produktion von dsRNA-Transkripten enthaltend 3'terminalen Fragmente der Epsilon-Cyclase cDNA (AF251016) unter Kontrolle des AP3P-Promoters

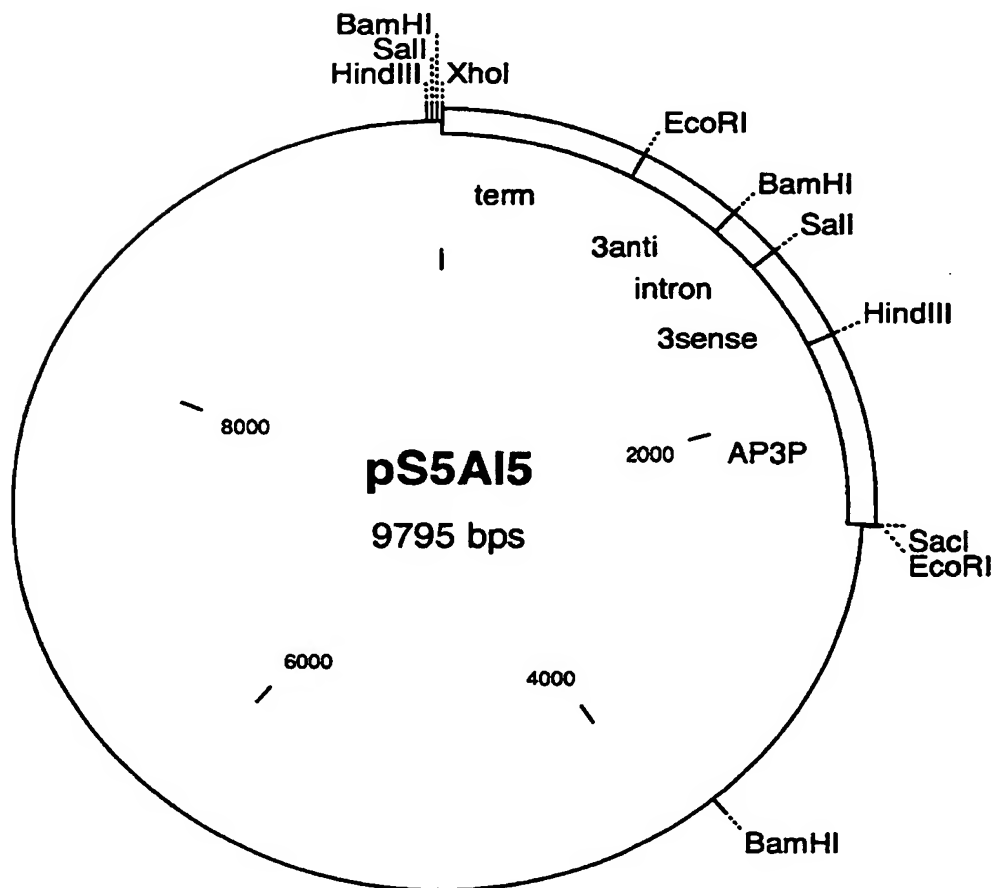


Abbildung 16: Inverse PCR-Amplifikat, das das 312 bp Fragment des Epsilon-Cyclase Promoters enthält

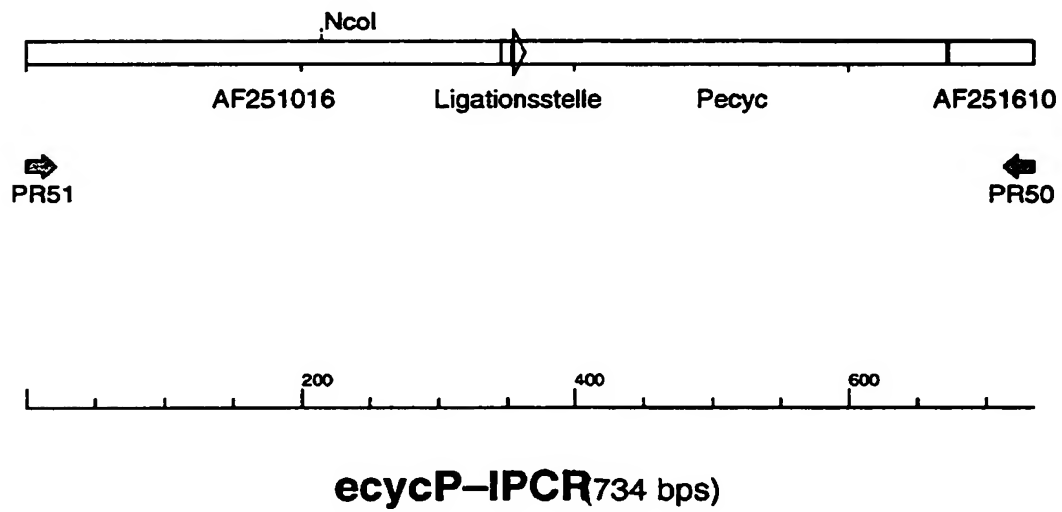
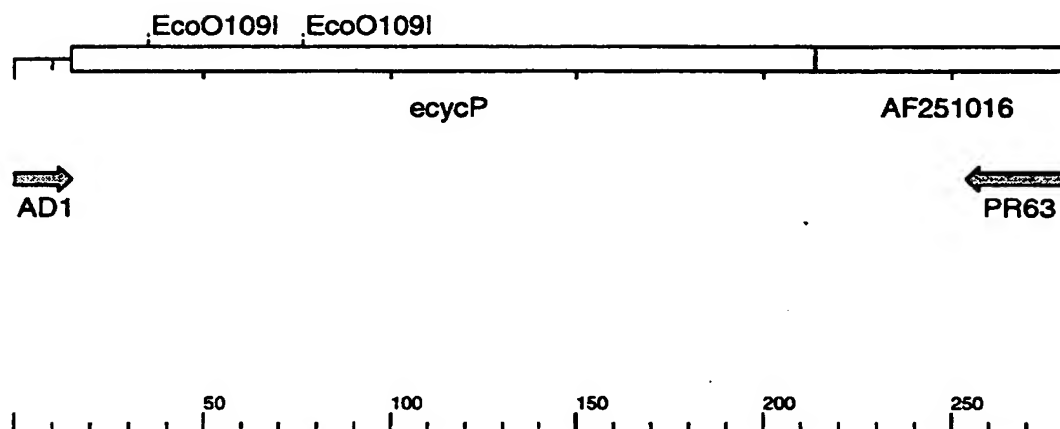


Abbildung 17: TAIL PCR-Amplifikat, das das 199 bp Fragment  
DES Epsilon-Cyclase Promoters enthält



**ecycP-TAIL**(280 bps)

Abbildung 18: Expressionsvektor zur blütenspezifischen Produktion von dsRNA-Transkripten enthaltend das 312 bp5 Promoterfragment der Epsilon-Cyclase unter Kontrolle des AP3P-Promoters

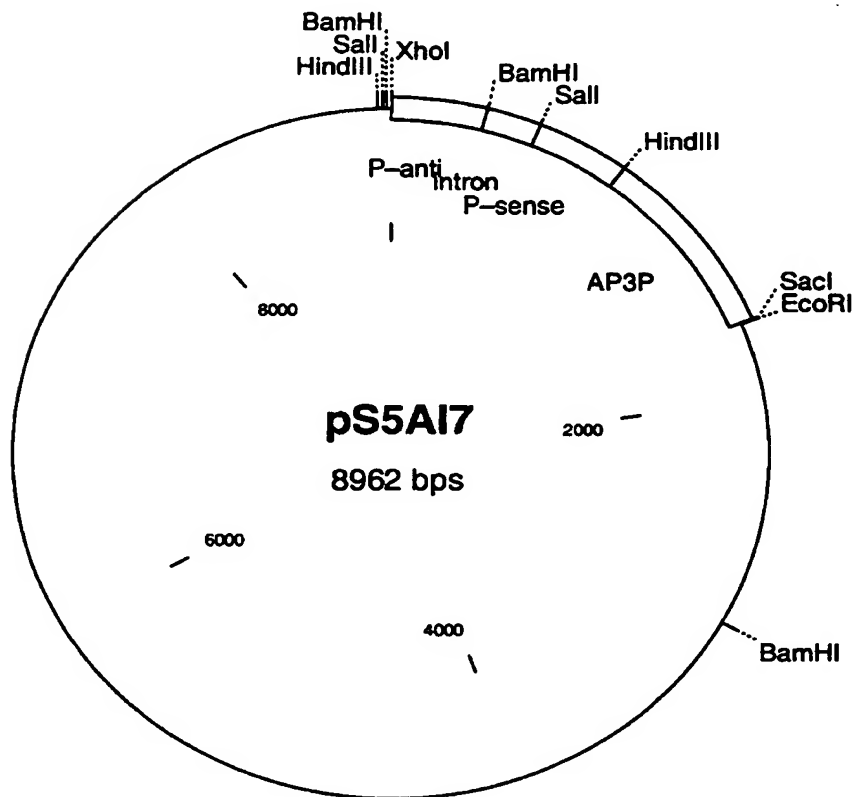


Abbildung 19: Expressionsvektor zur blütenspezifischen Produktion von dsRNA-Transkripten enthaltend das 312 bp Promoterfragment der Epsilon-Cyclase unter Kontrolle des CHRC-Promoters

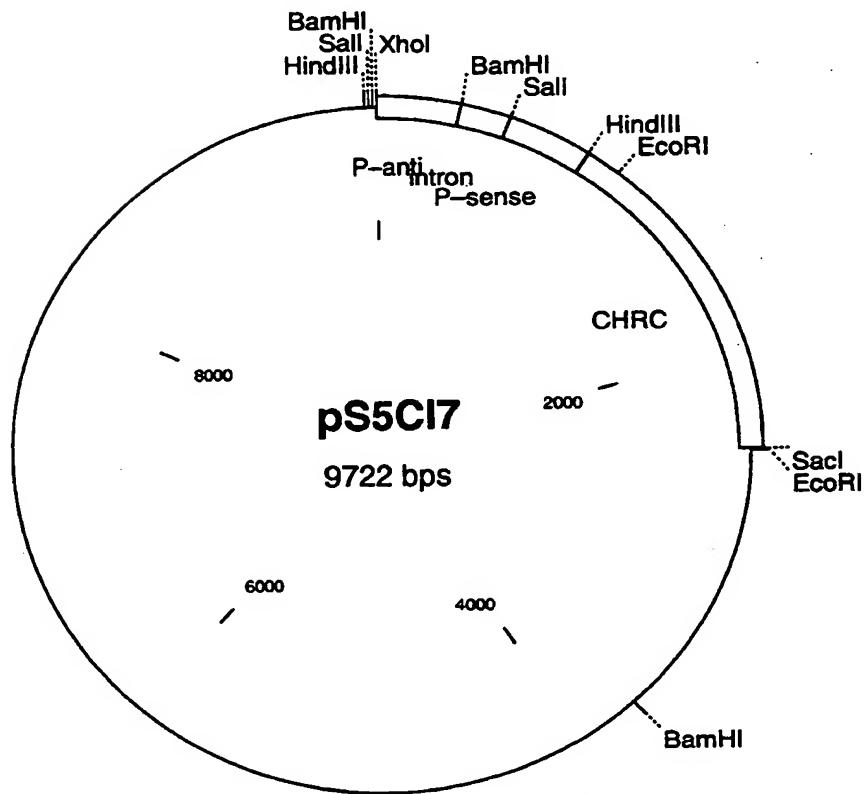


Abbildung 20: Expressionsvektor zur blütenspezifischen Produktion von dsRNA-Transkripten enthaltend das 312 bp5 Promoterfragment der Epsilon-Cyclase unter Kontrolle sowohl des AP3P-Promoters als auch des CHRC-Promoters

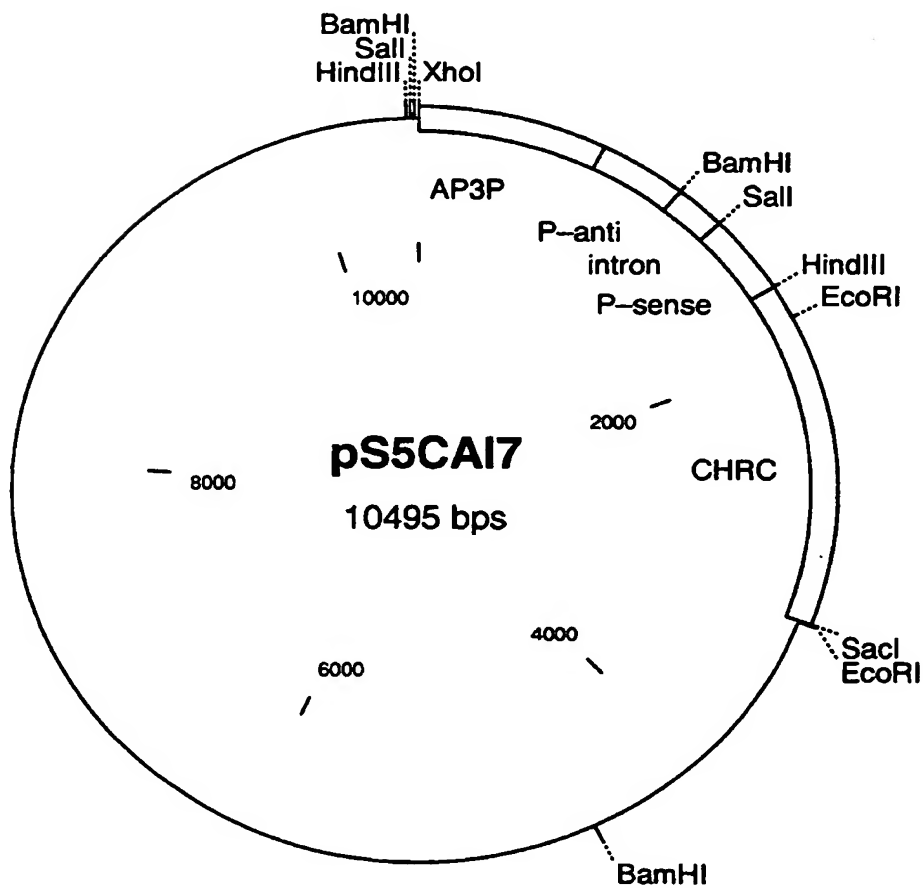


Abbildung 21: Konstrukt zur bluetenspezifischen Überexpression des Ketolase ( $\beta$ -C-4-Oxygenase) Proteins aus *H. pluvialis* ohne heterologes Transitpeptid.

